

STIC-Biotech/ChemLib

115913

From: Mehta, Ashwin
Sent: Wednesday, March 03, 2004 5:39 PM
To: STIC-Biotech/ChemLib
Subject: seq search

CRFF

STIC,

Please search the nucleotide sequences of SEQ ID NOs: 1-3 from 10/026,767.

My mail room is 2C18, office 2A19, art unit 1638.

Thank you,
Ashwin

Ashwin Mehta
United States Patent and Trademark Office
Biotechnology Patent Examiner
(571) 272-0803

RECEIVED
MAR - 4 2004
STIC/ChemLib

1-137
3p 116
3h 115 22
4. 121.5
3p 110.5
6h 110

3p

17 27

NA
1- 2549
2- 2571
3- 1833

Searcher: O. Schreiber
Phone: 272-2526
Location: Remsen E01A61
Date Picked Up: _____
Date Completed: 3/11
Searcher Prep/Review: 10
Clerical: _____
Online time: 6

TYPE OF SEARCH:
NA Sequences: 3
AA Sequences: _____
Structures: _____
Bibliographic: _____
Litigation: _____
Full text: _____
Patent Family: _____
Other: _____

VENDOR/COST (where applic.)
STN: _____
DIALOG: _____
Questel/Orbit: _____
DRLink: _____
Lexis/Nexis: _____
Sequence Sys.: Compag
WWW/Internet: _____
Other (specify): _____

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2004 CompuGen Ltd

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: March 10, 2004, 10:31:30 ; Search time 9570.21 Seconds (without arguments)

11544.306 Million cell updates/sec

Title: US-10-026-767-1

Sequence: 1 gcgcgtgcgcgcgaagcgc.....tgbgatcgcacatatactaa 2549

Scoring table: IDENTITY_NUC

Searched: 3470272 seqs, 21671516995 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 6940544

```
Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 20000000000
```

Post-processing:	Minimum Match	0%
------------------	---------------	----

Listing first 45 summaries

Database : GenEmbl: *

GenEmb1:*

1: gb ba:*

2: gb hng:*

3: gb_in:*

4: gb om:*

5: gb ov:*

6: gb pac:*

7: gb ph:*

8: gb pl:*

9: gb pr:*

10: gb ro:*

11: gb sec:*

12: gb sy:*

13: gb un:*

14: gb va:*

15: ba:*

16: em fun:*

17: em hum:*

18: em_in:*

19: em mu:*

20: em om:*

21: em or:*

22: em ov:*

23: em pat:*

24: em pl:*

25: em pl:*

26: em ro:*

27: em sec:*

28: em un:*

29: em va:*

30: em hng hum:*

31: em hng_in:*

32: em hng other:*

33: em hng mus:*

34: em hng pln:*

35: em hng rod:*

36: em hng mam:*

37: em hng wrt:*

38: em sy:*

39: em hng_hum:*

40: em hng_mus:*

41: em hng_other:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a

score greater than or equal to the score of the result being printed and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result	No.	Score	Query	Length	ID	Description
C	45	242	9.5	349082	1	EX572091
C	44	245	9.6	11023	1	AB063391
C	43	265	10.4	452	8	AF022914
C	42	276	10.8	2903	8	AY069110
C	41	305	12.0	570	8	AF101424
C	40	314	12.3	2907	9	HSPS05
C	39	317	12.4	3448	10	AF056573
C	38	318	12.5	3472	10	BC033427
C	37	319	12.7	3449	10	BC037659
C	36	323	12.7	3442	10	AF056574
C	35	336	13.2	3262	9	HSU76542
C	34	338	13.3	967	8	AF503911
C	33	342	13.4	3256	9	HSU66758
C	32	357	14.7	712	8	AC111016
C	31	375	14.7	801	8	AB097403
C	30	405	16.3	1250	8	MSP5C52
C	29	416	16.3	1250	8	MTR278820
C	28	1027	42.4	2571	8	ATHAHP5C5
C	27	1080	42.6	2603	8	MSP5C51
C	26	1085	42.6	2630	8	AF424633
C	25	1085	42.6	2552	8	ATP5C5A2N
C	24	1085	42.6	2552	8	ATP5C5A2N
C	23	1085	42.6	2185	8	AY150430
C	22	1085	42.6	2154	8	AY113046
C	21	1087	42.7	2600	8	AY080771
C	20	1087	42.7	2600	8	AY080771
C	19	1082	42.9	2417	8	VIRPFR
C	18	1092	43.0	2181	6	AX507171
C	17	1096	43.0	2181	6	AX507171
C	16	1099	43.1	2517	8	AY091766
C	15	1099	43.1	2517	8	ATP5C52
C	14	1108	43.5	2551	8	AF314811
C	13	1115	43.8	2791	8	AB054452
C	12	1124	44.1	2529	8	AF314812
C	11	1137	44.6	2520	8	MTR278818
C	10	1143	44.9	2374	8	VIR5686
C	9	1153	45.2	2239	8	SLU60267
C	8	1162	45.6	2992	8	AF067967
C	7	1203	47.2	2378	8	ADU92286
C	6	1379	54.1	2386	8	AK065425
C	5	1380	54.2	2739	8	AK101230
C	4	1796	70.5	1821	8	AK101985
C	3	2502	98.2	2549	8	E15287
C	2	2527	99.2	2767	8	AK102633
C	1	2549	100.0	2549	8	D49714

ALIGNMENTS

RESULT 1	
D49714	
LOCUS	D49714
DEFINITION	Oryza sativa mRNA for delta1-pyrroline-5-carboxylate synthetase,
ACCESSION	D49714
VERSION	D49714.1 GI:208161.1
KEYWORDS	delta1-pyrroline-5-carboxylate synthetase; OSP5CS.
SOURCE	Oryza sativa
ORGANISM	Oryza sativa
	Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
	Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Poales; Poaceae;
	Ehmerioideae; Oryzaceae; Oryza.
REFERENCE	1 (sites)
AUTHORS	Igarashi, Y., Yoshida, Y., Sanada, Y., Yamaguchi-Shinozaki, K., Wada, K.

TITLE Characterization of the gene for delta-pyrroline-5-carboxylate and Shinozaki, K.

JOURNAL
Plant Mol. Biol. 33 (5), 857-865 (1997)
MEDLINE
97260389

PUBMED	9106509
REFERENCE	2 (base)

1
2
3
4
5
6
7
8
9
10
11
12
13
14
15
16
17
18
19
20
21
22
23
24
25
26
27
28
29
30
31
32
33
34
35
36
37
38
39
40
41
42
43
44
45
46
47
48
49
50
51
52
53
54
55
56
57
58
59
60
61
62
63
64
65
66
67
68
69
70
71
72
73
74
75
76
77
78
79
80
81
82
83
84
85
86
87
88
89
90
91
92
93
94
95
96
97
98
99
100
101
102
103
104
105
106
107
108
109
110
111
112
113
114
115
116
117
118
119
120
121
122
123
124
125
126
127
128
129
130
131
132
133
134
135
136
137
138
139
140
141
142
143
144
145
146
147
148
149
150
151
152
153
154
155
156
157
158
159
160
161
162
163
164
165
166
167
168
169
170
171
172
173
174
175
176
177
178
179
180
181
182
183
184
185
186
187
188
189
190
191
192
193
194
195
196
197
198
199
200
201
202
203
204
205
206
207
208
209
210
211
212
213
214
215
216
217
218
219
220
221
222
223
224
225
226
227
228
229
230
231
232
233
234
235
236
237
238
239
240
241
242
243
244
245
246
247
248
249
250
251
252
253
254
255
256
257
258
259
260
261
262
263
264
265
266
267
268
269
270
271
272
273
274
275
276
277
278
279
280
281
282
283
284
285
286
287
288
289
290
291
292
293
294
295
296
297
298
299
300
301
302
303
304
305
306
307
308
309
310
311
312
313
314
315
316
317
318
319
320
321
322
323
324
325
326
327
328
329
330
331
332
333
334
335
336
337
338
339
340
341
342
343
344
345
346
347
348
349
350
351
352
353
354
355
356
357
358
359
360
361
362
363
364
365
366
367
368
369
370
371
372
373
374
375
376
377
378
379
380
381
382
383
384
385
386
387
388
389
390
391
392
393
394
395
396
397
398
399
400
401
402
403
404
405
406
407
408
409
410
411
412
413
414
415
416
417
418
419
420
421
422
423
424
425
426
427
428
429
430
431
432
433
434
435
436
437
438
439
440
441
442
443
444
445
446
447
448
449
450
451
452
453
454
455
456
457
458
459
460
461
462
463
464
465
466
467
468
469
470
471
472
473
474
475
476
477
478
479
480
481
482
483
484
485
486
487
488
489
490
491
492
493
494
495
496
497
498
499
500
501
502
503
504
505
506
507
508
509
510
511
512
513
514
515
516
517
518
519
520
521
522
523
524
525
526
527
528
529
530
531
532
533
534
535
536
537
538
539
540
541
542
543
544
545
546
547
548
549
550
551
552
553
554
555
556
557
558
559
560
561
562
563
564
565
566
567
568
569
570
571
572
573
574
575
576
577
578
579
580
581
582
583
584
585
586
587
588
589
590
591
592
593
594
595
596
597
598
599
600
601
602
603
604
605
606
607
608
609
610
611
612
613
614
615
616
617
618
619
620
621
622
623
624
625
626
627
628
629
630
631
632
633
634
635
636
637
638
639
640
641
642
643
644
645
646
647
648
649
650
651
652
653
654
655
656
657
658
659
660
661
662
663
664
665
666
667
668
669
670
671
672
673
674
675
676
677
678
679
680
681
682
683
684
685
686
687
688
689
690
691
692
693
694
695
696
697
698
699
700
701
702
703
704
705
706
707
708
709
710
711
712
713
714
715
716
717
718
719
720
721
722
723
724
725
726
727
728
729
730
731
732
733
734
735
736
737
738
739
740
741
742
743
744
745
746
747
748
749
750
751
752
753
754
755
756
757
758
759
760
761
762
763
764
765
766
767
768
769
770
771
772
773
774
775
776
777
778
779
780
781
782
783
784
785
786
787
788
789
790
791
792
793
794
795
796
797
798
799
800
801
802
803
804
805
806
807
808
809
810
811
812
813
814
815
816
817
818
819
820
821
822
823
824
825
826
827
828
829
830
831
832
833
834
835
836
837
838
839
840
84

AUTHORS
Igarashi, Y., Yoshida, Y., Sanada, Y., Wada, K., Yamaguchi-Shinozaki, K.

TITLE Nucleotide sequence of a cDNA encoding and snihozaki, K.

Journal of
delta-pyrroline-5-
carboxylate
dehydratase
Unpublished

3 (bases 1 to 2549)
Yoshihisa Y.

Db	1381	GAAGGGTAATAGGCTTCTCTCTAAAGGTGGAAAAAGAAAGCTATCAGATCAAAACAGATAT	1440
Qy	1441	TGCAATAGGTTATATACGTATGCTATCTCTCGTAAGTGTGGTGAATAAATCTTATGGCCCTTG	1500
Db	1441	TGCATTAAGGTTATATACGTATGCTATCTCTCGTAAGTGTGGTGAATAAATCTTATGGCCCTTG	1500
Qy	1501	TTACAACATAGAGATGAGATCGCAGATTTGCTTAAAGCTTGATGATGTCATTGATCTTGTC	1560
Db	1501	TTACAACATAGAGATGAGATCGCAGATTTGCTTAAAGCTTGATGATGTCATTGATCTTGTC	1560
Qy	1561	CTCCAAAGGGAAGTAATTAAGCTTGCTCTCAATATTAAGGCTCAACTTAAGATTCCTGTT	1620
Db	1561	CTCCAAAGGGAAGTAATTAAGCTTGCTCTCTCAATATTAAGGCTCAACTTAAGATTCCTGTT	1620
Qy	1621	TTGGGCATGCTGATGATGATATGCGCACGTATATATGACAATAACAGCTGACATGATATG	1680
Db	1621	TTGGGCATGCTGATGATGATATGCGCACGTATATATGACAATAACAGCTGACATGATATG	1680
Qy	1681	CAAAACCTTATTTGTAATGAGATCGCAAAACCTGATATCCAGCAGCCCTGCATATGCAATGAG	1740
Db	1681	CAAAACCTTATTTGTAATGAGATCGCAAAACCTGATATCCAGCAGCCCTGCATATGCAATGAG	1740
Qy	1741	CCTTACTATGTTCAATPAAGATCTTATTAAGAGCTCCAGGCTTGAGAGACATATTAGTAGAC	1800
Db	1741	CCTTACTATGTTCAATPAAGATCTTATTAAGAGCTCCAGGCTTGAGAGACATATTAGTAGAC	1800
Qy	1801	TAAAAACAAGAGAGTTAATATTTTATGTTGAGCCTTATGGCACAAAGCCTGGGATTT	1860
Db	1801	TAAAAACAAGAGAGTTAATATTTTATGTTGAGCCTTATGGCACAAAGCCTGGGATTT	1860
Qy	1861	CAAAAGCGTTTCACTTTCATCATAGATATAGTCTATAGCCCTGCACCTTGAGTTGTTG	1920
Db	1861	CAAAAGCGTTTCACTTTCATCATAGATATAGTCTATAGCCCTGCACCTTGAGTTGTTG	1920
Qy	1921	ATGATATGTTCAATCAGCAATTCAGCATTCATTCGTTATGAAAGTCTCATACAGATTGTA	1980
Db	1921	ATGATATGTTCAATCAGCAATTCAGCATTCATTCGTTATGAAAGTCTCATACAGATTGTA	1980
Qy	1981	TCGTCACTACAGATGATTAAGGTAGCAGAGACTTTTCTACGCAAGTGTATATGTGCTGTG	2040
Db	1981	TCGTCACTACAGATGATTAAGGTAGCAGAGACTTTTCTACGCAAGTGTATATGTGCTGTG	2040
Qy	2041	TATTTTCATTAATGCAAGTACGAGATCTCTGATGAGGGCTCGTTTGGATTTGGGTGTAGG	2100
Db	2041	TATTTTCATTAATGCAAGTACGAGATCTCTGATGAGGGCTCGTTTGGATTTGGGTGTAGG	2100
Qy	2101	TTGGCATTAAGCACAAGGCGGTATCCATGCCCCTGAGCCAGTGGGTGTTGAAGTCTCTTAA	2160
Db	2101	TTGGCATTAAGCACAAGGCGGTATCCATGCCCCTGAGCCAGTGGGTGTTGAAGTCTCTTAA	2160
Qy	2161	CTACACCAATGAGATCTTGGAGAGACGTGGGCAAGTGTGTAATGTCGATGCAAGATGTCGT	2220
Db	2161	CTACACCAATGAGATCTTGGAGAGACGTGGGCAAGTGTGTAATGTCGATGCAAGATGTCGT	2220
Qy	2221	AACCCCATTAAGAGTCTTCTTTGCAATAGGTCGAATCTCTCTTTAGCCTGTTCAAGAG	2280
Db	2221	AACCCCATTAAGAGTCTTCTTTGCAATAGGTCGAATCTCTCTTTAGCCTGTTCAAGAG	2280
Qy	2281	TAGGTGAATATCTCTTTTAAAGATGATGACTATTTTGTTCATCTTGTACAAGAT	2340
Db	2281	TAGGTGAATATCTCTTTTAAAGATGATGACTATTTTGTTCATCTTGTACAAGAT	2340
Qy	2341	CTTATATGGGCAATTCAGATGATTTATATTTTGGGGGTTCACATTCGAATGTGACAC	2400
Db	2341	CTTATATGGGCAATTCAGATGATTTATATTTTGGGGGTTCACATTCGAATGTGACAC	2400
Qy	2401	CAAAAATTAATTCATCAGTCTTGAGAGCAAGTTTGGAGTTCACTTCCATGTAAT	2460
Db	2401	CAAAAATTAATTCATCAGTCTTGAGAGCAAGTTTGGAGTTCACTTCCATGTAAT	2460
Qy	2461	AAGTAATATTCAGTCTTGAGAGCAAGTTTGGAGTTCACTTCCATGTAAT	2520
Db	2461	AAGTAATATTCAGTCTTGAGAGCAAGTTTGGAGTTCACTTCCATGTAAT	2520

Ory	2521	ACTRACATCTGTGATTGCATATATCTTA	2549
Db	2521	ACTRACATCTGTGATTGCATATATCTTA	2549
RESULT 2			
AK102633			
LOCUS			
DEFINITION			
ACCESSION	AK102633	2767 bp	mRNA linear
VERSION	AK102633.1		
KEYWORDS	FLU_CDNA; CAP trapper.		
SOURCE	Oryza sativa (japonica cultivar-group)		
ORGANISM	Oryza sativa (japonica cultivar-group)		
	Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta		
	Spermatophyta; Magnoliopsida; Liliopsida; Poales; Poaceae;		
	Ehrhartoidae; Oryzaceae; Oryza.		
REFERENCE			
AUTHORS	1		
	The Rice Full-Length cDNA Consortium, National Institute of Agrobiological Sciences Rice Full-Length cDNA Project Team; Kikuchi,S., Satoh,K., Nagata,T., Kawagashita,N., Doi,K., Kishimoto,N., Yazaki,J., Ishikawa,M., Yamada,H., Ooka,H., Hotta,I., Koijima,K., Naniki,T., Ohneda,B., Yanagi,M., Suzuki,K., Li,C., Ohtsuki,K., Shishiki,T., Foundation of Advancement of International Science Genome Sequencing & Analysis Group; Otomo,Y., Murakami,K. Iida,Y., Sugano,S., Fujimura,T., Suzuki,Y., Tanoda,Y., Kurosaki,T., Kodama,T., Masuda,H., Kobayashi,M., Xie,Q., Lu,X., Naitkawa,R., Sugiyama,A., Mizuno,K., Yokomizo,S., Ninkura,J., Ikeda,R., Ishibiki,J., Kawamatsu,M., Yoshimura,A., Mura,J., Kusumegi,T., Oka,M., Ryu,R., Ueda,M., Matsubara,K., RIKEN; Kawai,J., Carninci,P., Adachi,J., Aizawa,K., Arakawa,T., Fukuda,S., Hara,A., Hashimoto,W., Hayatsu,N., Imocani,K., Ishii,Y., Itoh,M., Kagawa,T., Kondo,S., Komoto,H., Miyazaki,A., Osato,N., Ota,Y., Saito,R., Sasaki,D., Sato,K., Shibata,K., Shinagawa,A., Shiraki,T., Yoshino,M. and Hayashizaki,Y.		
TITLE			
JOURNAL	Japanese rice		
MEDLINE	Science 301 (5631), 376-379 (2003)		
PUBMED	12785273		
REFERENCES	12869764		
AUTHORS	2 (bases 1 to 2767)		
	Adachi,J., Aitawa,K., Akimura,T., Arikawa,T., Carninci,P., Doi,K., Fujimura,T., Fukuda,S., Hanagaki,T., Hara,A., Hashizume,W., Hayashida,K., Hayashizaki,Y., Hayatsu,N., Hizemoto,K., Hirooka,T., Horii,F., Hotte,I., Iida,J., Iida,Y., Ikeda,R., Inamura,K., Imocani,K., Ishibiki,J., Ishii,Y., Ishikawa,M., Itohi,M., Kagawa,I., Kawagawa,S., Kato,H., Kawagashita,N., Kawai,J., Kawamata,M., Kikuchi,S., Kishikawa-Hirozane,T., Kishimoto,N., Kobayashi,M., Kodama,T., Koijima,K., Koijima,Y., Konno,S., Konno,H., Kouda,M., Koya,S., Kurihara,C., Kurosaki,T., Kusumegi,T., Li,C., Lu,X., Masuda,H., Matsubara,K., Matsuyama,T., Mura,J., Miyazaki,A., Mizuno,K., Murakami,K., Murate,M., Nagata,T., Nakamura,M., Naniki,T., Narikawa,R., Ninkura,J., Nishi,K., Nomura,K., Numasaki,R., Ohneda,B., Ono,M., Ohtsuki,K., Oka,M., Ooka,H., Osato,N., Ota,Y., Otomo,Y., Ryu,R., Satoh,H., Sakai,C., Sekai,X., Sekizume,N., Sano,H., Sasaki,D., Sato,K., Satoh,K., Shibata,K., Shinagawa,A., Shiraki,T., Shishiki,T., Sogabe,Y., Sugano,S., Sugiyama,A., Suzuki,K., Suzuki,Y., Tagami,M., Tagami-Takeda,Y., Tagawa,A., Takahashi,F., Takaku-Akahira,S., Tanaka,T., Tomaru,A., Toya,T., Tanoda,Y., Ueda,M., Waki,K., Xie,Q., Yahagi,W., Yamada,H., Yamamoto,M., Yasunishi,A., Yazaki,J., Yokomizo,S. and Yoshimura,A.		
TITLE			
JOURNAL	Direct Submission		
	Submitted (27-AUG-2002) Shoichi Kikuchi, National Institute of Agrobiological Sciences, Department of Molecular Genetics, Head of Laboratory of Gene Expression, 2-1-2 Kannondai, Tsukuba, Ibaraki 305-8602, Japan (E-mail:srikuch@nias.affrc.go.jp, Tel:81-29-838-7007, Fax:81-29-838-7007)		
COMMENT	This clone is one of the 28k full-length cDNA clones from japonica rice. URL : http://cdna01.dna.affrc.go.jp/cdna/		

QY 1621 TTGGGACATGCTGATGATATGACAGCTATATATGACAAATGACGTGACATGATATG 1680
 DB 1641 TTGGGACATGCTGATGATATGACAGCTATATATGACAAATGACGTGACATGATATG 1700
 QY 1681 CAAACCTTATGATGATGATGACAAATGATATGACAGCTGATGATGATGATGATG 1740
 DB 1701 CAAACCTTATGATGATGATGACAAATGATATGACAGCTGATGATGATGATGATG 1760
 QY 1741 CCTTACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1800
 DB 1761 CCTTACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1820
 QY 1801 TAAACACAGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1860
 DB 1821 TAAACACAGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1880
 QY 1861 CAAACCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1920
 DB 1881 CAAACCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1940
 QY 1921 ATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1980
 DB 1941 ATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2000
 QY 1981 TCGTCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2040
 DB 2001 TCGTCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2060
 QY 2041 TATTTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2100
 DB 2061 TATTTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2120
 QY 2101 TTGGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2160
 DB 2121 TTGGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2180
 QY 2161 CTGACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2220
 DB 2181 CTGACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2240
 QY 2221 ACAACCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2280
 DB 2241 ACAACCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2300
 QY 2281 TAGGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2340
 DB 2301 TAGGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2360
 QY 2341 CTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2400
 DB 2361 CTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2419
 QY 2401 CAAACCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2460
 DB 2420 CAAACCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2479
 QY 2461 AAGTAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2520
 DB 2480 AAGTAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2539
 QY 2521 ACTAACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2549
 DB 2540 ACTAACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2568

RESULT 3

E15267

LOCUS E15267 2549 bp DNA linear PAT 28-JUL-1999

DEFINITION Oryza sativa mRNA for delta1-pyrroline-5-carboxylic acid synthase,

complete cds.

ACCESSION E15267

VERSION E15267.1 GI:5709950

KEYWORDS JP 1998057069-A/1.

SOURCE

Oryza sativa

Oryza sativa

Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;

ORGANISM

Oryza sativa

Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;

Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Poales; Poaceae;

REFERENCE

1 (bases 1 to 2549)

Yoshihisa, H. and Igarashi, Y.

RICE PLANT DELTA1-PYRROLINE-5-CARBOXYLIC ACID SYNTHASE GENE

AUTHORS

Yoshihisa, H. and Igarashi, Y.

RICE PLANT DELTA1-PYRROLINE-5-CARBOXYLIC ACID SYNTHASE GENE

Patent: JP 1998057069-A 1 03-MAR-1998;

TITLE

RICE PLANT DELTA1-PYRROLINE-5-CARBOXYLIC ACID SYNTHASE GENE

Patent: JP 1998057069-A 1 03-MAR-1998;

HITACHI LTD

COMMENT

Oryza sativa (rice)

OS Oryza sativa (rice)

PN JP 1998057069-A/1

PD

03-MAR-1998

PF 22-AUG-1996 JP 1996221465

PI YOSHIDA HIROCHIKA, IGARASHI YUMIKO

PC

C12N15/09 C07H21/02 C07H21/04 C12N9/06 C12Q1/68 CC

strandedness: Double;

CC topology: Linear;

FH

Key

Location/Qualifiers

FH

FT

source

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

CDS

99..2249

/product='delta1-pyrroline-5-carboxylic acid synthase'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

FT

location/Qualifiers

1..2549

/organism='Oryza sativa'

QY 541 AAGTATACCAATATTTATGAAATGATGCCATCAGCACTAGAAGGCTCCATATAGG 600
 DB 541 AAGTATACCAATATTTATGAAATGATGCCATCAGCACTAGAAGGCTCCATATAGG 600
 QY 601 ATTCACTGCGTATATTCGCGATTAATGACAGTTTACAGACTGTTGGCACTGGA 660
 DB 601 ATTCACTGCGTATATTCGCGATTAATGACAGTTTACAGACTGTTGGCACTGGA 660
 QY 661 AAGTATCTCTCTTATTCGCTGAGTGTGATGAGGTTGATATAGTGTCCACCAAGT 720
 DB 661 AAGTATCTCTCTTATTCGCTGAGTGTGATGAGGTTGATATAGTGTCCACCAAGT 720
 QY 721 AACCATCATCAAAAATCATACACTTATATTAAGAAAGCAATCAGCAAGAAATCACTT 780
 DB 721 AACCATCATCAAAAATCATACACTTATATTAAGAAAGCAATCAGCAAGAAATCACTT 780
 QY 781 TTGAGCAAAATTCCTGATGATGAGAGGATGACAGCAAAAGTGAAGGCTGCTCT 840
 DB 781 TTGAGCAAAATTCCTGATGATGAGAGGATGACAGCAAAAGTGAAGGCTGCTCT 840
 QY 841 TGGCTTCAAAATGACGCAACCTGCTGATTAATTAAGAGGTTGAAATGAGCAATTC 900
 DB 841 TGGCTTCAAAATGACGCAACCTGCTGATTAATTAAGAGGTTGAAATGAGCAATTC 900
 QY 901 TTTAAGTTCTTCATGCGGAAAAAATGGTACTCTCTTCAAGAAATGCGAATTTGGG 960
 DB 901 TTTAAGTTCTTCATGCGGAAAAAATGGTACTCTCTTCAAGAAATGCGAATTTGGG 960
 QY 961 AATCATCTAAGATGTTAGTACTGCTGATGAGGCTGTTGCGCAAGAGATTTCAAGG 1020
 DB 961 AATCATCTAAGATGTTAGTACTGCTGATGAGGCTGTTGCGCAAGAGATTTCAAGG 1020
 QY 1021 ATCTACAGAAATTTGCTATCAAGAGAAAGAAAGATATGCTATGATGTTGCAATGCTT 1080
 DB 1021 ATCTACAGAAATTTGCTATCAAGAGAAAGAAAGATATGCTATGATGTTGCAATGCTT 1080
 QY 1081 TGGAGGCAATGAGGATTAATTAAGTGTGAAATGAAAGCTGATGCTGCGGCGCAAG 1140
 DB 1081 TGGAGGCAATGAGGATTAATTAAGTGTGAAATGAAAGCTGATGCTGCGGCGCAAG 1140
 QY 1141 TTGCTGATATGAGAGGCTTGTGCTAGATTGACTATTAACAGAAAGATAGCA 1200
 DB 1141 TTGCTGATATGAGAGGCTTGTGCTAGATTGACTATTAACAGAAAGATAGCA 1200
 QY 1201 GCTTGAAGAAATCTATTCGTACCTTGAATATGAGAGACCTTATTAACAGAAATCTT 1260
 DB 1201 GCTTGAAGAAATCTATTCGTACCTTGAATATGAGAGACCTTATTAACAGAAATCTT 1260
 QY 1261 AAAAGACAGAGGTTGCTGATGATTAAGTCTTGAAGAAAGCTTGGCCATAGGTTG 1320
 DB 1261 AAAAGACAGAGGTTGCTGATGATTAAGTCTTGAAGAAAGCTTGGCCATAGGTTG 1320
 QY 1321 TCTTATATGTTTGTAGTCCGACCTGATGCTGTTGATGATGATCTTTGGCAATTC 1380
 DB 1321 TCTTATATGTTTGTAGTCCGACCTGATGCTGTTGATGATGATCTTTGGCAATTC 1380
 QY 1381 GAAGTGTATAGTCTTCTCTCAAAAGGTGAAAAAGAGCTATGATCAAAACAGAT 1440
 DB 1381 GAAGTGTATAGTCTTCTCTCAAAAGGTGAAAAAGAGCTATGATCAAAACAGAT 1440
 QY 1441 TGCATTAAGGTTAATCTATGATGATCTCTGTAATGTTGTGAAAACTTATTTGGCCTTG 1500
 DB 1441 TGCATTAAGGTTAATCTATGATGATCTCTGTAATGTTGTGAAAACTTATTTGGCCTTG 1500
 QY 1501 TTACAACTAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1560
 DB 1501 TTACAACTAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1560
 QY 1561 CTCACAGAGAGATTAAGCTTGTCTCTCAAAATCAGAGCTCAACTAAGATTCCTGTT 1620
 DB 1561 CTCACAGAGAGATTAAGCTTGTCTCTCAAAATCAGAGCTCAACTAAGATTCCTGTT 1620
 QY 1621 TTGGCAATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1680

DB 1621 TTGGCAATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1680
 QY 1681 CAAACTTATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1740
 DB 1681 CAAACTTATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1740
 QY 1741 CCTTACTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1800
 DB 1741 CCTTACTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1800
 QY 1801 TAAAAACAGAGAGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1860
 DB 1801 TAAAAACAGAGAGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1860
 QY 1861 CAAAGCTGTTTCACTTCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1920
 DB 1861 CAAAGCTGTTTCACTTCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1920
 QY 1921 ATGATGTTCAATCAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1980
 DB 1921 ATGATGTTCAATCAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1980
 QY 1981 TGTCTCATCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2040
 DB 1981 TGTCTCATCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2040
 QY 2041 TATTTCAATATGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2100
 DB 2041 TATTTCAATATGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2100
 QY 2101 TTGGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2160
 DB 2101 TTGGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2160
 QY 2161 CTACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2220
 DB 2161 CTACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2220
 QY 2221 ACACCCATGAGTCTTCTTGTGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2280
 DB 2221 ACACCCATGAGTCTTCTTGTGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2280
 QY 2281 TAGTGAATATGCTTCTTGAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2340
 DB 2281 TAGTGAATATGCTTCTTGAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2340
 QY 2341 CTATATGCGGATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2400
 DB 2341 CTATATGCGGATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2400
 QY 2401 CAAAAATTAATTCATCAGTCTGAGAGCAAGTTTGAAGGTTGAGCTTCCAGTAT 2460
 DB 2401 CAAAAATTAATTCATCAGTCTGAGAGCAAGTTTGAAGGTTGAGCTTCCAGTAT 2460
 QY 2461 AAGTAAATCAGTCTGAGAGCAAGTTTGAAGGTTGAGCTTCCAGTAT 2520
 DB 2461 AAGTAAATCAGTCTGAGAGCAAGTTTGAAGGTTGAGCTTCCAGTAT 2520
 QY 2521 ACTAACATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2549
 DB 2521 ACTAACATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2549

RESULT 4
 AKI01985
 LOCUS
 DEFINITION
 Oryza sativa (Japonica cultivar-group) cDNA clone:J033078N24, full
 insert sequence.
 ACCESSION
 AKI01985
 VERSION
 AKI01985.1 GI:32987194
 KEYWORDS
 FLI CDNA; CAP trapper.
 SOURCE
 Oryza sativa (Japonica cultivar-group)

Db 741 AACCATCATCAAAATCATACACTATATTAAGAAAGCATGACGAAATCACTT 800
 Qy 781 TTGGAGCAAAATCTGTGTAGGTAGAGAGGATGACGAAAGTGAAGTGTGTCT 840
 Db 801 TTGGAGCAAAATCTGTGTAGGTAGAGAGGATGACGAAAGTGAAGTGTGTCT 860
 Qy 841 TTGGCTTCAATATGCGGACACCTGTGTATTAAGTGGTTGAAATCGAGCATTC 900
 Db 861 TTGGCTTCAATATGCGGACACCTGTGTATTAAGTGGTTGAAATCGAGCATTC 920
 Qy 901 TTAAGTCTTCAATGCGGAAATATGTAATCTCTTCAAGAAATGCGAATTTGGGG 960
 Db 921 TTAAGTCTTCAATGCGGAAATATGTAATCTCTTCAAGAAATGCGAATTTGGGG 980
 Qy 961 AATCATCTAAGATGTTAGTACTCGTGAATGCTGTGTGCGGACAGATTTCAAGGC 1020
 Db 981 AATCATCTAAGATGTTAGTACTCGTGAATGCTGTGTGCGGACAGATTTCAAGGC 1040
 Qy 1021 ATCTACAGAAATTTGTCATGAGGAAACGAAATATTTGTAGATTTGCAATGCTT 1080
 Db 1041 ATCTACAGAAATTTGTCATGAGGAAACGAAATATTTGTAGATTTGCAATGCTT 1100
 Qy 1081 TGGAGCAATGAGATTTAATAGATCTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAAT 1140
 Db 1101 TGGAGCAATGAGATTTAATAGATCTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAAT 1160
 Qy 1141 TTGCTGATATGAGAAAGCTTTGTTGCTAGATGATTAATTAACGAGAAATAGCAA 1200
 Db 1161 TTGCTGATATGAGAAAGCTTTGTTGCTAGATGATTAATTAACGAGAAATAGCAA 1220
 Qy 1201 GCTTCAAAATCTATTTGCTGCTTGAATGAGAAATGAGAAATGAGAAATGAGAAAT 1260
 Db 1221 GCTTCAAAATCTATTTGCTGCTTGAATGAGAAATGAGAAATGAGAAATGAGAAAT 1280
 Qy 1261 AAAAGACAGAGGTTGCTGATGATTTAGTCTTGAAGAAATCTTGGCATTAGTCTC 1320
 Db 1281 AAAAGACAGAGGTTGCTGATGATTTAGTCTTGAAGAAATCTTGGCATTAGTCTC 1340
 Qy 1321 TCTTAATTTGTTTGAAGTCCGACCTGATGCTGCTGATGATGATGATGATGATGAT 1380
 Db 1341 TCTTAATTTGTTTGAAGTCCGACCTGATGCTGCTGATGATGATGATGATGATGAT 1400
 Qy 1381 GAAAGTGTATGCTGCTTCTCTTAAAGTGAAGAAAGATGATGATGATGATGATGAT 1440
 Db 1401 GAAAGTGTATGCTGCTTCTCTTAAAGTGAAGAAAGATGATGATGATGATGATGAT 1460
 Qy 1441 TGCATTAAGTTTAACTGATGCTTCTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1500
 Db 1461 TGCATTAAGTTTAACTGATGCTTCTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1520
 Qy 1501 TTACAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1560
 Db 1521 TTACAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1580
 Qy 1561 TTCCAAGAGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1620
 Db 1581 TTCCAAGAGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1640
 Qy 1621 TTGGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1680
 Db 1641 TTGGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1700
 Qy 1681 CAAAATTAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1740
 Db 1701 CAAAATTAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1760
 Qy 1741 CTTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1800
 Db 1761 CTTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1820
 Qy 1801 T 1801
 Db 1821 T 1821

RESULT 5
 AK101230
 LOCUS
 DEFINITION
 Oryza sativa (japonica cultivar-group) cDNA clone:U030301H21, full insert sequence.
 ACCESSION
 AK101230
 VERSION
 GI:32986439
 KEYWORDS
 CAP trapper
 SOURCE
 Oryza sativa (japonica cultivar-group)
 Oryza sativa (japonica cultivar-group)
 Eukaryote, Viridiplantae, Streptophyta, Embryophyta, Tracheophyta, Spermatophyta, Magnoliophyta, Liliopsida, Poales, Poaceae, Ehrhartoideae, Oryzoae, Oryza.
 REFERENCE
 AUTHORS
 1
 The Rice Full-length cDNA Consortium, National Institute of Agricultural Sciences Rice Full-length cDNA Project Team, Kikuchi, S., Sato, K., Nagata, T., Kawagashira, N., Doi, K., Kishimoto, N., Yazaki, J., Ishikawa, M., Yamada, H., Ooka, H., Hotta, I., Kojima, K., Namiki, T., Ohneda, E., Yahagi, W., Suzuki, K., Li, C., Ohtsuki, K., Shishiki, T., Foundation of Advancement of International Science Genome Sequencing & Analysis Group: Oono, Y., Murakami, K., Iida, Y., Sugano, S., Fujimura, T., Suzuki, Y., Tsunoda, Y., Kurosaki, T., Kodama, T., Masuda, H., Kobayashi, M., Xie, Q., Lu, M., Nariawa, R., Sugiyama, A., Mizuno, K., Yokomizo, S., Nishikura, J., Ikeda, R., Ishibiki, J., Kawamata, M., Yoshimizu, A., Miura, J., Kusumegi, T., Oka, M., Ryu, R., Ueda, M., Matsubara, K., RIKEN, Kawai, J., Carninci, P., Adachi, J., Aizawa, K., Arakawa, T., Fukuda, S., Hara, A., Hashidume, W., Hayatsu, N., Imotani, K., Ishii, Y., Itoh, M., Kagawa, T., Kondo, S., Kono, H., Miyazaki, A., Oosato, N., Ota, Y., Saito, R., Sasaki, D., Sato, K., Shibata, K., Shingawa, A., Shireki, T., Yoshino, M., and Hayashizaki, Y.
 Collection, mapping, and annotation of over 28,000 cDNA clones from japonica rice
 Science 301 (5631), 376-379 (2003)
 JOURNAL
 MEDLINE
 PUBMED
 12869273
 2 (pages 1 to 2739)
 Aichi, J., Aizawa, K., Akimura, T., Arakawa, T., Carninci, P., Doi, K., Fujimura, T., Fukuda, S., Hamagaki, T., Hara, A., Hashizume, W., Hayashida, K., Hayashizaki, Y., Hayatsu, N., Hiramoto, K., Hirooka, T., Hori, F., Hotta, I., Iida, J., Iida, Y., Ikeda, R., Imamura, K., Imotani, K., Ishibiki, J., Ishii, Y., Ishikawa, M., Itoh, M., Kagawa, S., Kato, H., Kawagashira, N., Kawai, J., Kawamata, M., Kikuchi, S., Kishikawa-Hirozane, T., Kishimoto, N., Kobayashi, M., Kodama, T., Kojima, K., Kojima, Y., Kondo, S., Kono, H., Kouda, M., Koya, S., Kurihara, C., Kurosaki, T., Kusumegi, T., Li, C., Lu, M., Masuda, H., Matsubara, K., Matsuyama, T., Miura, J., Miyazaki, A., Mizuno, K., Murekami, K., Murata, M., Nagata, T., Nakamura, M., Namiki, T., Nariawa, R., Nishikura, J., Nishi, K., Nomura, K., Numasaki, R., Ohneda, E., Ohno, M., Ohtsuki, K., Oka, M., Ooka, H., Oosato, N., Ota, Y., Oono, Y., Ryu, R., Saito, H., Sasaki, D., Sato, K., Sakai, K., Sakazume, N., Sano, H., Sasaki, D., Sato, K., Sato, K., Shibata, K., Shingawa, A., Shiraki, T., Shireki, T., Sogabe, Y., Sugano, S., Sugiyama, A., Suzuki, K., Suzuki, Y., Tagami, S., Tagami-Takada, Y., Tagawa, A., Takahashi, F., Takaku-Akahira, S., Takata, T., Tomaru, A., Toya, T., Tsunoda, Y., Ueda, M., Waki, K., Xie, Q., Yahagi, W., Yamada, H., Yamamoto, M., Yasunishi, A., Yazaki, J., Yokomizo, S. and Yoshimura, A.
 Direct Submission
 Submitted (27-AUG-2002) Shoshi Kikuchi, National Institute of Agricultural Sciences, Department of Molecular Genetics, Head of Laboratory of Gene Expression, 2-1-2 Kamondai, Tsukuba, Ibaraki 305-8602, Japan (E-mail: skikuchi@iaas.affrc.go.jp, Tel:81-29-838-7007, Fax:81-29-838-7007)
 This clone is one of the 28k full-length cDNA clones from japonica rice.
 URL: <http://cdna01.dna.affrc.go.jp/cDNA/>
 NIAS Rice Full-length cDNA Project Team: Kikuchi, S., Sato, K., Nagata, T., Kawagashira, N., Doi, K., Kishimoto, N., Yazaki, J., Ishikawa, M., Yamada, H., Ooka, H., Hotta, I., Kojima, K., Namiki, T., Ohneda, E., Yahagi, W., Suzuki, K., Li, C., Ohtsuki, K., Shishiki, T., and Ohneda, E., Yahagi, W., Suzuki, K., Li, C., Ohtsuki, K., Shishiki, T. and

Yamamoto, M.
 FATS Genome Sequencing & Analysis Group: Otsu, Y., Iida, Y.,
 Fujimura, T., Ikeda, R., Ishibiki, J., Kawamata, M., Kobayashi, M.,
 Kodama, T., Kuroaki, T., Kusumegi, T., Lu, M., Masuda, H., Miura, J.,
 Munro, K., Nariikawa, R., Nishikawa, J., Oka, M., Ryu, R., Sugano, S.,
 Suiyama, A., Suzuki, Y., Tsumoda, Y., Ueda, M., Xie, Q., Yokomizo, S.,
 Yoshimura, A., Matsubara, K. and Murakami, K.
 Genome Exploration Research Group in Riken Genomic Sciences Center
 and Genome Science Laboratory in Riken: Adachi, J., Aizawa, K.,
 Akimura, T., Arakawa, T., Carninci, P., Fukuda, S., Hangaki, T.,
 Hara, A., Hashizume, W., Hayashida, K., Hayatsu, N., Hiwamoto, K.,
 Hirooka, T., Hori, F., Iida, J., Imamura, K., Imoto, K., Ishii, Y.,
 Itoh, M., Kagawa, I., Kanagawa, S., Katoh, H., Kawai, J.,
 Kishikawa-Hirozane, T., Kojima, Y., Konno, S., Konno, H., Kouda, M.,
 Koya, S., Kurihara, C., Matsuyama, T., Miyazaki, A., Murata, M.,
 Nakamura, M., Nishi, K., Nomura, K., Numasaki, R., Ohno, M., Otsu, N.,
 Ota, Y., Saitoh, H., Sakai, C., Sakai, K., Sakazume, N., Sano, H.,
 Sasaki, D., Sato, K., Shibata, K., Shingawa, A., Shiraki, T.,
 Sogabe, Y., Tagami, M., Tagami, T., Tagami, Y., Tagawa, A., Takahashi, F.,
 Takaku-Akashita, S., Tanaka, T., Tomaru, A., Toya, T., Waki, K.,
 Yasunishi, A. and Hayashizaki, Y.

FEATURES

source

1..2739
 Location/Qualifiers
 /organism="Oryza sativa (japonica cultivar-group)"
 /mol_type="mRNA"
 /cultiyar="Nipponbare"
 /db_xref="taxon:3947"
 /clone="J03031H21"

ORIGIN

Query Match 54.2%; Score 1380.6; DB 8; Length 2739;
 Best Local Similarity 77.4%; Pred. No. 0;
 Matches 1674; Conservative 0; Mismatches 489; Indels 0; Gaps 0;
 96 GCCATGCGAGCGTGAAGCCCGGAGGCTTCTGAGGAGCGTGAAGCGCGTCAATC 155
 245 GAGCTGAGAGAACCGACCTCCACCGCGGCTTGTCAAGAGCGGAGCGCATCATC 304
 156 AAGGTGGGCACTGAGTTGTCTCCAGACCAAGATGGAAGATTGGCTTGGGCAAGGTTGA 215
 305 AAGGTGGGCACTGAGTTGTCTCCAGACCAAGATGGAAGATTGGCTTGGGCAAGGTTGA 364
 216 GCTGTGCGAGCGAGTTAAGAACTGAACCTTTAGATGAGAGATTTTGTGAC 275
 365 GCTGTGCGAGCGAGTTAAGAACTGAACCTTTAGATGAGAGATTTTGTGAC 424
 276 TCAGGTGCTGTGAGAGTGGGCGACACCGACTTAAGTACCGGAAGCTTGCATTAAGCAGC 335
 425 TCTGTGTCTGTGTGTGGAGGCGACAGGCTCAAGTACCGGAAGCTTGCATTAAGCAGC 484
 336 TTTGCTGATCTGCAAAAGCCACAGATGAGTGAAGTGAAGGCTTGGCGGTGGT 395
 485 TTGCTGATCTGCAAAAGCCACAGATGAGTGAAGTGAAGGCTTGGCGGTGGT 544
 396 CAGAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 455
 545 CAGAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 604
 456 CAACTTTTGTCAACCGACAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 515
 605 CAGCTTCTGTGAGAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 664
 516 ACTGTGATCATATTAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 575
 665 ACTGTGATCATATTAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 724
 576 AGCACTGAAGAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 635
 725 AGTACAGAGAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 784
 636 GCAAGAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 695
 785 GCAAGAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 844

QY 696 GGGTGTATAGTGTGCAACCAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 755
 DB 845 GGGTGTATAGTGTGCAACCAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 904
 QY 756 GAAAGCATGAGCAAGAAATCACTTTTGAAGCAAAATCTGTGATGAGAGGAGCATG 815
 DB 905 GAAACATGAGCAAGAAATCACTTTTGAAGCAAAATCTGTGATGAGAGGAGCATG 964
 QY 816 AAGGAAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 875
 DB 965 CAGCTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 1024
 QY 876 AGTGGTGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 935
 DB 1025 AGTGGTGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 1084
 QY 936 TTTCAAGATGCAATTTGTGGAATCATCTTAAGATGTTAGTACTGTGAGATGCT 995
 DB 1085 TTCCATAGGGAAGCAACCAAGTGGGTTGTTCAGAGGAAGCAACGCGTGAAGATGCGC 1144
 QY 996 GTTGCAGGAAGATTTGTCAAGGATCTACAGATTTGTCAAGGAGGAAGCAAGAAAG 1055
 DB 1145 GTTGCAGGAAGATTTGTCAAGGATCTACAGATTTGTCAAGGAGGAAGCAAGAAAG 1204
 QY 1056 ATATTGTAGATGTTGCAAGTGTCTTGAAGCAAAATGAGATTTAATTAAGTCTGAGAT 1115
 DB 1205 ATATTGTAGATGTTGCAAGTGTCTTGAAGCAAAATGAGATTTAATTAAGTCTGAGAT 1264
 QY 1116 GAAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 1175
 DB 1265 CAGCTGATCTGAGATTTGGCGCAAGATTTGGTTAGTGAATTCATGTTGTGCTGAGATG 1324
 QY 1176 ACTATAAACAGAGAAATGAGCAAGCTTCAAAATCTATTCGATCCCTTGAAGATG 1235
 DB 1325 ACCATAAACAGAGAAATGAGCAAGCTTCAAAATCTATTCGATCCCTTGAAGATG 1384
 QY 1236 GAAAGCCTTAAACCAATCTTAAAGCAAGATGCTGATGATTTAGTCTTGAAG 1295
 DB 1385 GAAAGCCTTAAACCAATCTTAAAGCAAGATGCTGATGATTTAGTCTTGAAG 1444
 QY 1296 AAAACATCTGCGCCATTTAGTGTCTCTTAATGTTTGAAGTCCGACCTGATGCTTG 1355
 DB 1445 AAAACATCTGCGCCATTTAGTGTCTCTTAATGTTTGAAGTCCGACCTGATGCTTG 1504
 QY 1356 GTTCAATGCAATCTTTGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATG 1415
 DB 1505 GTTCAATGCAATCTTTGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATG 1564
 QY 1416 GAAAGTCAAGTCAAAACAGATTAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 1475
 DB 1565 GAAAGTCAAGTCAAAACAGATTAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 1624
 QY 1476 GTTGTGAAGAACTTATTTGCTTTGCAACTAAGATGAGTGCAGATTTGCTAAAG 1535
 DB 1625 GTTGTGAAGAACTTATTTGCTTTGCAACTAAGATGAGTGCAGATTTGCTAAAG 1684
 QY 1536 CTTGATGATGATGATCTTGTCACTCAGAGAGATTAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 1595
 DB 1685 CTTGATGATGATGATCTTGTCACTCAGAGAGATTAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 1744
 QY 1596 AAGGCGTCAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 1655
 DB 1745 AAGGCGTCAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 1804
 QY 1656 GAAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 1715
 DB 1805 GAAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 1864
 QY 1716 CCAAGAGCTGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATG 1775
 DB 1865 CCAAGAGCTGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATG 1924

OY	1776	GAGCCTGACGACATTTTGTGTGACATAAAAAAGAAAGGGATTAAATTTAATGTGTGACT	1833
Db	1295	GAGCTTGACGANTTTATGTGTGAGCTTTGAAGAAGGGGTAAGTTATCTATGGCCGGCT	1988
OY	1836	ATTGGCGACAAGCTCTGGGATTTTCMAAAGCTGTTTCATTTCAATCATGAGTATAGTCT	1895
Db	1985	GTTGCACATGACACTTTGAAAACCTAACCAAGGAAGATGATTCATTCATCATGAGATPACCA	2044
OY	1896	ATGGCTTCGACCTGTGAGTTGTTTATATATGTTCATATGACGAAATGACATATTCATGCT	1955
Db	2045	ATGGATGACACCCTCGAATTTGTTATATATGTGATGCGATGACGACATTTGACCATATTAATGCG	2104
OY	1956	TATGANAAGTGTCTATACAGATTTGATTCGTCACCTACAGATGATTAAGTAGAGACAGACTTTT	2015
Db	2105	TATGGAATGACACACACAGATTGCATTTATCACTATGATGGAAGAAAGCAGCAGAGACTTTT	2164
OY	2016	CTAGCGAAGATTGATATAGTGTCTGTATTTCATTAATGCAAGTAGACAAATTCCTGTATGGG	2075
Db	2165	CTACGCAAGATGATGAATAGCTGTGGATTTCCATTAATGCAAGCACAGGTTCTGTATAGGG	2224
OY	2076	GCTCGATTTGGATTGGGTGTGATAGGTTGGCATTAACACAGGGCGATTCATGCCCGGTGA	2139
Db	2225	GCTCGCTTTGGTCTAGTGTCTGATAGGTTGGCATTAACACAGGGCGCATTCATGCTGGGGG	2288
OY	2136	CCAGTGGGTGTGAAGGTCTCTTAACTACACGATGATCTTTCGAGAGCGTGGGCAATGTG	2195
Db	2285	CCTGTGGCGGTGATGAGACTCTTAACAATCGATCATTTTATCGAGAAATGACACATGA	2344
OY	2196	GTTGAATGTGACAAAGATGTGCTGTACACCCATAGAGTCTTCCTTCGATGAGAGTCAA	2255
Db	2345	GTTAACGGGACAAAGGAGTGTCTTACACCCACACAGAGAGCTCCCTTGATGATGAGGTGA	2404
OY	2256	ATG 2258	
Db	2405	GTG 2407	
RESULT 6			
AK069425		3386 bp mRNA linear PLN 24-JUL-2003	
LOCUS		Oryza sativa (japonica cultivar-group) cDNA clone:J023019K03, full	
DEFINITION		insert sequence.	
ACCESSION	AK069425		
VERSION	AK069425.1	GI:32979449	
KEYWORDS	FLI -CDNA; CAP trapper.		
SOURCE	Oryza sativa (japonica cultivar-group)		
ORGANISM	Oryza sativa (japonica cultivar-group)		
	Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;		
	Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Poales; Poaceae;		
	Einhartoideae; Oryzaceae; Oryza.		
REFERENCE	1	The Rice Full-Length cDNA Consortium, National Institute of	
AUTHORS		Agronomical Sciences Rice Full-Length cDNA Project Team;	
		Kikuchi,S., Satoh,K., Nagata,T., Kawagashira,N., Doi,K.,	
		Kishimoto,N., Yasaki,Y., Ishikawa,M., Yamada,H., Ooka,H., Hotta,I.,	
		Kojima,K., Namiiki,T., Ohneda,E., Yahagi,W., Suzuki,K., Ii,C.,	
		Ohnuki,K., Shishiki,T., Foundation of Advancement of International	
		Science Genome Sequencing & Analysis Group.; Okomo,Y., Murakami,K.K.,	
		Iida,Y., Sugano,S., Fujimura,T., Suzuki,Y., Tsumoda,Y.,	
		Nakaseki,T., Kodama,T., Masuda,H., Kobayashi,M., Xie,Q., Lu,M.,	
		Narikawa,R., Sugiyama,A., Mizuno,K., Yokomizo,S., Niikura,J.,	
		Ikeba,R., Ishibiki,Y., Kawamata,M., Yoshimura,A., Mura,J.,	
		Kusumegi,T., Oka,M., Ryu,R., Ueda,M., Matsubara,K., RIKEN;	
		Kawai,S., Carrinci,P., Adachi,J., Aizawa,K., Arakawa,T., Fukuda,S.,	
		Hara,A., Hashidume,W., Hayatsu,N., Imotani,K., Ishii,Y., Itou,M.,	
		Kagawa,I., Kondo,S., Konno,H., Miyazaki,A., Osato,N., Ota,Y.,	
		Saito,R., Sasaki,D., Sato,K., Shibata,K., Shinagawa,A., Shiraki,T.,	
		Yoshino,M. and Hayashizaki,Y.	
TITLE		Collection, mapping, and annotation of over 28,000 cDNA clones from	
		japonica rice	
JOURNAL	SCIENCE 301 (5631), 376-379 (2003)		
MEDLINE	22752273		
PUBMED	12869764		

REFERENCE
AUTHORS

2 (bases 1 to 3386)
Adachi,T., Aizawa,K., Akimura,T., Arakawa,T., Carninci,P., Doi,K., Fujimura,T., Fukuda,S., Hanagaki,T., Hara,A., Hashizume,W., Hayashida,K., Hayashizaki,Y., Hayatsu,N., Hizumoto,K., Hirooka,T., Hori,F., Hotta,I., Iida,Y., Iida,Y., Ikeda,R., Imamura,K., Imotani,K., Ishibiki,T., Ishii,Y., Ishikawa,M., Itoh,M., Kagawa,I., Kanagawa,S., Katoh,H., Kawagashira,N., Kawai,J., Kawamata,M., Kikuchi,S., Kishikawa-Hirozane,T., Kishimoto,N., Kobayashi,M., Kodama,T., Kojima,K., Kojima,Y., Kondo,S., Konno,H., Kouda,M., Koya,S., Kurihara,C., Kurosaki,T., Kusumegi,T., Li,C., Lu,M., Maeda,H., Matsubara,K., Matsuyama,T., Miura,Y., Miyazaki,A., Mizuno,K., Murakami,K., Murata,M., Nagata,T., Nakamura,M., Namiki,T., Nariikawa,R., Nishikura,M., Nishi,K., Nomura,K., Numasaki,R., Ohneda,E., Ohno,M., Ohtsuki,K., Oka,M., Ooka,H., Oseai,T., Oka,Y., Ohtomo,Y., Ryu,R., Satoh,H., Sakai,C., Sakai,K., Sakazume,N., Sano,H., Sasaki,D., Sato,K., Satoh,K., Shibata,K., Shingawa,A., Shiraki,T., Shishiki,T., Sogabe,Y., Sugano,S., Sugiyama,A., Suzuki,K., Suzuki,Y., Tagami,M., Tagami-Takeda,Y., Tagawa,A., Takahashi,F., Takaku-Akahira,S., Tanaka,T., Tomaru,A., Toya,T., Tsumoto,Y., Ueda,M., Waki,K., Xie,Q., Yahagi,W., Yamada,H., Yamamoto,M., Yasunishi,A., Yazaki,J., Yokomizo,S., and Yoshimura,A.

TITLE
JOURNAL

Direct Submission
Submitted (05-DEC-2001) Shoshi Kikuchi, National Institute of Agrobiological Sciences, Department of Molecular Genetics, Head of Laboratory of Gene Expression, 2-1-2 Kannondai, Tsukuba, Ibaraki 305-8602, Japan (E-mail:skikuchi@nias.affrc.go.jp, Tel:81-29-838-7007, Fax:81-29-838-7007)
This clone is one of the 28K full-length cDNA clones from japonica rice.

COMMENT

URL : http://cdna01.dna.affrc.go.jp/cDNA/NIAS_Rice_Full-length_cDNA_Project_Team_kikuchi.S., Satoh.K., Nagata.T., Kawagashira.N., Doi.K., Kishimoto.N., Yazaki.J., Ishikawa.M., Yamada.H., Ooka.H., Hotta.I., Kojima.K., Namiki.T., Ohneda.E., Yahagi.W., Suzuki.K., Li.C., Ohtsuki.K., Shishiki.T. and Yamamoto,M.
FAS Genome Sequencing & Analysis Group: Ohno,Y., Iida,Y., Fujimura,T., Ikeda,R., Ishibiki,J., Kawamata,M., Kobayashi,M., Kodama,T., Kurosaki,T., Kusumegi,T., Lu,M., Masuda,H., Mura,Y., Mizuno,K., Nariikawa,R., Nishikura,Y., Oka,M., Ryu,R., Sugano,S., Sugiyama,A., Suzuki,Y., Tsumoto,Y., Ueda,M., Xie,Q., Yokomizo,S., Yoshimura,A., Matsubara,K., and Murakami,K.
Genome Exploration Research Group in Riken Genomic Sciences Center and Genome Science Laboratory in Riken: Adachi,T., Aizawa,K., Akimura,T., Arakawa,T., Carninci,P., Fukuda,S., Hanagaki,T., Hara,A., Hashizume,W., Hayashida,K., Hayatsu,N., Hizumoto,K., Hirooka,A., Hori,F., Iida,Y., Imamura,K., Imotani,K., Ishii,Y., Itoh,M., Kanagawa,I., Kanagawa,S., Katoh,H., Kawai,J., Kouda,M., Kishikawa-Hirozane,T., Kojima,Y., Kondo,S., Konno,H., Koya,S., Kurihara,C., Matsuyama,T., Miyazaki,A., Murata,M., Nakamura,M., Nishi,K., Nomura,K., Numasaki,R., Ohno,M., Oseai,T., Satoh,K., Sakai,C., Sakai,K., Sakazume,N., Sano,H., Sasaki,D., Sato,K., Shibata,K., Shingawa,A., Shishiki,T., Sogabe,Y., Tagami,M., Tagami-Takeda,Y., Tagawa,A., Takahashi,F., Takaku-Akahira,S., Tanaka,T., Tomaru,A., Toya,T., Waki,K., Yasunishi,A. and Hayashizaki,Y.
Location/Qualifiers
1..3386
/organism="Oryza sativa (japonica cultivar-group)"
/mol_type="mRNA"
/cul_xref="Nipponbare"
/db_xref="taxon:39947"
/clone="U023019K03"

ORIGIN

Query Match 54.1% Score 1379, DB 8, Length 3386;
Best Local Similarity 77.3% Pred. No. 0;
Matches 1673; Conservative 0; Mismatches 490; Indels 0; Gaps 0;

96 GCATGCGAGCGCTCGACCCGCTCCCGGAGCGTTCTAGAGGACGCGAGCGCGCTATCATC 155
189 GACGTGAGGAACACCGGACTCCACCGCGCGCTCTCTCAAGAGCGTGAAGCGCATCATCATC 248

QY 156 AAGTGGGCACTGCAATTTCTCCAGACAGATGGAAGATTGGCTTTGGGCAAGGTTGGA 215
 Db 249 AAGGTGGGCACTGCTGTTGTAAGTGGGCGGTTGGCTTAAGGCGAGGCTCGGT 308
 QY 216 GCTGTGCGAGCAGGTTAAAGAACTGAATCTTTAGATACAGAGATTTTGTGAC 275
 Db 309 GCTGTGTAAGCAGGAGAGCTAAATTTTGAAGGGATACAGAGATTTGCTGAC 368
 QY 276 TCAAGTCTGTGAGAGGGGCAACAGCACTTAAGTACCGAAAGCTTTGATAGAGC 335
 Db 369 TCTGTCTGTGAGTGGAGGCAAGAGCTCAAGTACCGAAAGCTTCGTAATACAGT 428
 QY 336 TTGCTGATCTGCAAAAGCCACAGATGAGTAAAGTAAAGGTTGGCGCTGGT 395
 Db 429 TTGCTGATCTGCAAAAGCCACAGATGAGTAAAGGTTGGCGCTGGT 488
 QY 396 CAGAGTGAATGAGTGGCTCTTTACGATATGTTTAAACCACTGATGTCGTCATCT 455
 Db 489 CAGAGTGAATGAGTGGCTCTTTACGATATGTTTAAACCACTGATGTCATCT 548
 QY 456 CAATCTCTGCAAGCAGATGATTTGAGAACCCAAAGTTCCGGAGCACTCACTGA 515
 Db 549 CAGCTCTGTTGAGATCGATTTTATGATCCAAAGTTGGGAAACGCTCCGAG 608
 QY 516 ACTGTGATCTATTAATGATCTTAAGTTATACCAATATTTAATGAATGAGCAGT 575
 Db 609 ACTGTGATCTATTAATGATCTTAAGTTATACCAATATTTAATGAATGAGCAGT 668
 QY 576 AGCACTGAAAGGCTCCATATGAGATTCATCTGATATTTTGGGATTAAGCAAGTTA 635
 Db 669 AGTACCAAGGAGCAACATACGAGATTCATCTGATATTTTGGGATTAAGCAAGTTA 728
 QY 636 GCAAGATCTGCTGCACTGGAAGTGAAGTGAATCTCTTATTCGCTCAGTATGAGAT 695
 Db 729 GCGAGATCTGCTGCACTGGAAGTGAAGTGAATCTCTTATTCGCTCAGTATGAGAT 788
 QY 696 GAGTGTATAGTGTCCACCAAGTGAACCATCAATAAATCATACACTTATTAATA 755
 Db 789 GAGTGTATAGTGTCCACCAAGTGAACCATCAATAAATCATACACTTATTAATA 848
 QY 756 GAAAGATCAGCAAGAAATCACTTTGAGAACAAATCTGTATGATGAGAGGAGCAGT 815
 Db 849 GAAAGATCAGCAAGAAATCACTTTGAGAACAAATCTGTATGATGAGAGGAGCAGT 908
 QY 816 ACAGCAAAAGTGAAGGCTGTGCTTGTGCTTCAATATGAGCAGCACTGTGATTAACA 875
 Db 909 CAAGCTAAAGTGAAGGCTGTGCTTGTGCTTCAATATGAGCAGCACTGTGATTAACA 968
 QY 876 AGTGGTGTGAAATTCGAGATCTTAAAGTCTTCAATGAGGAGGAGGAGGAGGAGT 935
 Db 969 AGTGGTGTGAAATTCGAGATCTTAAAGTCTTCAATGAGGAGGAGGAGGAGGAGT 1028
 QY 936 TTTCACAGATGCAATTTTGGGAAATCATCTAAGATTTAGTACTGCTGAGTGGCT 995
 Db 1029 TTTCACAGATGCAATTTTGGGAAATCATCTAAGATTTAGTACTGCTGAGTGGCT 1088
 QY 996 GTTCCGCAAGATTTGTTCAAGCATCTACAGATTTGCTACAGAGAGCAAAAG 1055
 Db 1089 GTTCCGCAAGATTTGTTCAAGCATCTACAGATTTGCTACAGAGAGCAAAAG 1148
 QY 1056 ATATTGATGATGTTGAGATGCTTTGAGGCAAAATAGATTTAATAGTCTGAGAT 1115
 Db 1149 ATTTGCTGAGCATCGCGATGCTCTAGAGCAAAATAGATTTAATAGTCTGAGAT 1208
 QY 1116 GAACTGATGTTAGTGGGCGCAAGTGTGATGATGAGAGGCTTTGCTGATAGT 1175
 Db 1209 CAAGCTATCTGATTTGCGCAAGATTTGTTACATTAATCATTTGTTGCTCGAGT 1268
 QY 1176 ACTATAAACCAAGAAAGATAGCAAGCTTGCAGAAATCTATGCTACCTTGCAGAAATG 1235
 Db 1269 ACCTAAAGCCAGAAAGATTAAGAGCTTGCAGAGATCAATTTGTTAAATCGCTGATATG 1328
 QY 1236 GAAGACCTATTAACCAAGATTAATTAAGAGAGAGGTTGCTGATGATTTAGTTCTTGAG 1295

Db 1329 GAGACCTATTTCCATACACTGAAAGAAAGAGGTTGCTAAAGATCTTTTGGAG 1368
 QY 1296 AAAACATCTTGCCCATTAAGTGTCTCTTAATGTTTGTAGTCCGACCTGATGCTTG 1355
 Db 1389 AAAACATCTTGCCCATTAAGTGTCTCTTAATGTTTGTAGTCCGACCTGATGCTTG 1448
 QY 1356 GTTCAGATTTGATCTTTGGCAATTCGAAGTGTATGATCTTTCTTCTTAAAGGTGAAA 1415
 Db 1449 GTACAGATTTGATCTTTGGCAATTCGAAGTGTATGATCTTTCTTCTTAAAGGTGAAA 1508
 QY 1416 GAAGCTATCAATCAACACATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1475
 Db 1509 GAAGCTATCAATCAACACATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1566
 QY 1476 GTTGTGAAAACTTATGCTGTTGTAACAATGAGATGATGATGATGATGATGATGATG 1535
 Db 1569 GTTGTGAAAACTTATGCTGTTGTAACAATGAGTGAAGAAATGCTGATGATGATGATG 1628
 QY 1536 CTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1595
 Db 1629 CTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1688
 QY 1596 AAGCGTCACTAAGATTCCTGTTCTTGGCATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATG 1655
 Db 1689 AAGCGTCACTAAGATTCCTGTTCTTGGCATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATG 1748
 QY 1656 GACAAATCAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1715
 Db 1749 GACAAATCAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1808
 QY 1716 CCAGAGCTGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1775
 Db 1809 CCAGAGCTGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1868
 QY 1776 GGCCTTGACGATTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1835
 Db 1869 GGCCTTGACGATTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1928
 QY 1836 ATTGCGCAAGAGCTGCGGATTTCAAAAAGCTGTTTCAATTCATGATGATGATGATGATG 1895
 Db 1929 GTTGCACTGACATTTGAAATCTACCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1988
 QY 1896 ATGCGTCACTGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1955
 Db 1989 ATGCGTCACTGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2048
 QY 1956 TATGAGATGCTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2015
 Db 2049 TATGAGATGCTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2108
 QY 2016 CTACAGAGTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2075
 Db 2109 CTACAGAGTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2168
 QY 2076 GCTGCTTTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2135
 Db 2169 GCTGCTTTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2228
 QY 2136 CCAGTGGTGTGAAAGTCTCTTAATCAACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2195
 Db 2229 CCTGTGGCGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2288
 QY 2196 GTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2255
 Db 2289 GTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2348
 QY 2256 ATG 2258
 Db 2349 GTG 2351

RESULT 7

Db 734 TGCCTTGAACATAAAGAGATCTCTTATTTTGTGATGATGTGATGCTTTATTA 793
 Qy 707 TGGTCACCAAGATGAACCATCATCAAAATATCATACACTTATTTAAAGAAAGCATCA 766
 Db 794 TGGCCACCAAGATGAACCATCATCAAAATATCATACACTTATTTAAAGAAAGCATCA 853
 Qy 767 GCAGAAATCACTTTTGAAGACAAATCTGTGTAGTGAAGAGGATGACAGCAAAAGT 826
 Db 854 AGAGAAATCACTTTTGAAGATTAATAGTGTGGGAGAGGGGTGATGCTGCAAAAGT 913
 Qy 827 GAAGGCTGTCTTGGCTTCAATAGGGGCACTGTGTGTATTAACAATGGGTTGA 886
 Db 914 TAAAGCACTTTTATGCTGCTTATGCTGAAATTCCTGTAATATCGTTAGGCAAGGC 973
 Qy 887 AATCGAGCACTTTTAAAGTCTTCAATGGGAAAAAATGGTACTCTTTTCAAGAA 946
 Db 974 AACCGCAATATTTCAAAAGTATGATGTGATGTGTGGACCCATATTTCAAGAA 1033
 Qy 947 TGGCAATTTGTGGGATCATCTAAGATGTTAGTACTGTGAGATGCTGTGGCCAG 1006
 Db 1034 TGTCTATTTATGGGTTCAAGTTAAAGAACTGTGTGTGATGACATGGCAGTTGACAG 1093
 Qy 1007 AATTTGTCAGAGCATCTAAGATTTGTATCAGAGAGCAAGAAAAAGATTTGCTAGA 1066
 Db 1094 AAGAGATTTAGAGAGGCTTCAAGAGCTGTCTTCAAGAAAGAAAGAAATTTTGTG 1153
 Qy 1067 TGTTCAGATGCTTTTGAAGGCAATGAGATTTAAAGTCTGAGAAATGAGCTGATGT 1126
 Db 1154 CATACCTGATGCTTTTGAAGGCAATGAGAAAGATCTGCTGAAATGAGCTGATGT 1213
 Qy 1127 AGCTGGGCGCAAGTGTGATGATGAGAGCTTTGTTGTTGATGATGATTAATTAAC 1186
 Db 1214 TGTCTGGGCAATATGGGGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1273
 Qy 1187 AGAAAGATGAGCAAGCTTTGCAAAATCTATTCCTTCAATATGAGAGCCCTAT 1246
 Db 1274 TGACAAAGATTTTACCTTTGCAAAATCAATCTGTCTGTGATATGAGAGACCTAT 1333
 Qy 1247 AACCAGATCTTAAAGAAAGAGAGTGTGATGATTTAGTCTTGAAGAAACATCTTG 1306
 Db 1334 TGTGAAATTTTGAAGAAAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1393
 Qy 1307 CCCATTAAGTGTCTTATATTTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1366
 Db 1394 CCCCTTGGGTACTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1453
 Qy 1367 ATCTTGGCAATGCAAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1426
 Db 1454 TTCATTTGGCTATACAGAGTGAATGGGCTTTTGAAGGATGAGAGGCAAGAG 1513
 Qy 1427 ATCAAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1486
 Db 1514 ATCAAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1573
 Qy 1487 ACTTATGAGCTTTGTAACAATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1546
 Db 1574 ATTAATTTGGTCTAGACCTCAAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1633
 Qy 1547 CATTAATCTGTCTCAAGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1606
 Db 1634 GATTGATCTGTCTCAAGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1693
 Qy 1607 TAAAGTCTGTCTTGGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1666
 Db 1694 AAGAAATCTGTCTGGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1753
 Qy 1667 TGAAGTCTGTCTTGGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1726
 Db 1754 TAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1813
 Qy 1727 CAATCAATGAGACCTTACTATGATCATAGGATCTTATGAGAGTCCAGGCTTGAAGA 1786
 Db 1814 TAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1873

Qy 1787 CATATTAGTACCTAATAAAGAGAGTTATATTTATGTTGAGCC-----TATTC 1840
 Db 1874 CTTATTTGTTGATCTTGAATCTGAGAGTTTACTATTTTGTGAGCCAAAGATTAATGC 1933
 Qy 1841 GCACAAAGCTCTGGGATTTCCAAAGCTGTTTCATTCATCATGATATATGTTATGAGC 1900
 Db 1934 CTTCAGAGATTCATATTTCAAGTCTACGATTCATCATAGATGATGATGATGATGATG 1993
 Qy 1901 CTGACCTGTTGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1960
 Db 1994 TTTTACAGTGAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2053
 Qy 1961 AAGTGTCTATACAGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2020
 Db 2054 AAGTGTCTATACAGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2113
 Qy 2021 CAGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2080
 Db 2114 GCTAGTTGACAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2173
 Qy 2081 TTTTGAATGGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2140
 Db 2174 TTTTGAATGGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2233
 Qy 2141 GGGTGTGAAGTCTTACTATACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2200
 Db 2234 TGGGCTTGAAGGATTTATACCAAGATGGGTTCTCAAGGAGAGGCAAGATTTGCA 2293
 Qy 2201 TGGTGAAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2243
 Db 2294 TGGTGAAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2336

RESULT 9
 SLU60267 2239 bp. mRNA linear. PLN 24-JAN-2003
 LOCUS
 DEFINITION
 Solanum lycopersicum delta.1-pyrroline-5-carboxylate synthetase
 (tompro2) mRNA, complete cds.
 U60267.1 GI:1480669
 VERSION
 ACCESSION
 KEYWORDS
 SOURCE
 ORGANISM
 Lycopersicon esculentum (tomato)
 Lycopersicon esculentum
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
 asterids; lamiales; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon.
 1 (bases 1 to 2239)
 Joly,R.J., Garcia-Rios,M., Fujita,T., Bressan,R.A., Ceszka,L.N.,
 Joly,R.J., and Hasegawa,M.P.
 Cloning and partial characterization of PRO2, a second tomato gene
 encoding the enzyme involved in the first two steps of proline
 biosynthesis
 (in) PROCEEDINGS OF THE ASPP MEETING;
 (1996)
 JOURNAL
 REFERENCE
 AUTHORS
 TITLE
 JOURNAL
 REFERENCE
 AUTHORS
 TITLE
 JOURNAL
 FEATURES
 source
 1..2239
 /organism="Lycopersicon esculentum"
 /mol_type="mRNA"
 /db_xref="taxon:4081"

QY 1894 CTAAGCCCTGCACTGTTGATTTGTGATGATGATTCATACGCAATTCATACCAATTCATC 1953
 Db 1839 CACTAGCTTGACCTGAGAGTTGTTGAAGATGATATGCTGCATATACATATACATC 1898
 QY 1954 GTTATGAGAGTCTCATACAGATTTGATCTGCTACATACAGATGATAGGATGACAGACTT 2013
 Db 1899 AGCATGAGAGTCCCAACCATACATCATATACATGAGATGAGAGATTTGCTGAAATTT 1958
 QY 2014 TTTTACGAGATTTGATAGTCTGCTGATTTTCAATAGCAAGTACGAGATTTCTGATG 2013
 Db 1959 TTTTACGAGATTTGATAGTCTGCTGATTTTCAATAGCAAGTACGAGATTTGATGATG 2018
 QY 2074 GAGCTGCTTTGATGATGCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2133
 Db 2019 GATTCGCTTTGATGATGCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2078
 QY 2134 GACCAAGTGGCTTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2193
 Db 2079 GCCCAAGTGGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2138
 QY 2194 TGGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2248
 Db 2139 TGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2193
 RESULT 10
 VVI5686 2374 bp mRNA linear PLN 30-JUL-1999
 LOCUS Vitis vinifera mRNA for pyrroline-5-carboxylate synthetase (delta 1
 DEFINITION type)
 ACCESSION AJ005686
 VERSION delta 1 type; pyrroline-5-carboxylate synthetase.
 KEYWORDS Vitis vinifera
 SOURCE Vitis vinifera
 ORGANISM Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
 Rosids; Vitaceae; Vitis.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 2374)
 AUTHORS Stines, A.P., Naylor, D.J., Hoj, P.B. and van Heeswijk, R.
 TITLE Proline accumulation in developing grapevine fruit occurs
 independently of changes in the levels of
 delta1-pyrroline-5-carboxylate synthetase mRNA or protein
 JOURNAL Plant Physiol. 120 (3), 923 (1993)
 MEDLINE 99329329
 PUBMED 10398729
 REFERENCE 2 (bases 1 to 2374)
 AUTHORS Stines, A.P.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (24-Apr-1998) Stines A.P., Horticulture, Viticulture and
 Oenology, University of Adelaide, plant Research Centre, Waite
 Campus, Urrbrae, South Australia, 5064, AUSTRALIA
 REMARK
 FEATURES
 source
 location/Qualifiers
 1..2374
 /organism="Vitis vinifera"
 /mol_type="mRNA"
 /cui_type="Shiraz"
 /db_xref="taxon:29760"
 /issue_type="grape berry"
 /dev_stage="10 weeks post-anthesis berry"
 1..2374
 /gene="p5cs"
 /gene="p5cs"
 /EC_number="2.7.2.11"
 /function="gamma glutamyl kinase and
 glutamate-5-semialdehyde dehydrogenase"
 /codon_start=1
 /evidence=experimental
 /product="pyrroline-5-carboxylate synthetase"
 /protein_id="CAB40834.1"

/db_xref="GI:4585617"
 /db_xref="GOA:O9XG4"
 /translaction="MEMDADPTAPVVDKRELVIRKSTAVVTSDEGLALGRLGALC
 NIKELNSQGYOIVIVTSAGVIGRQDFRSLNNSPADLQKPOLDEKRAQAVQ
 BOMMALYDLPFQDLVTSQALVTDNDFEDFRLQVOTVSLALVPIFENND
 EVTRKAPYEDSSGIFWINDSLAGLALVLAQKDLVLAIPVDGLYSGPSPDLIHT
 YLEKHOQGITFGDSSRGVGGMTAKVSAVYSSQAGIPVITSGVATSLKVLNGE
 RIGLTPHRAVYVQVKEVGRABMAVAPESRTOAMNSODRKILIDIANLRTNE
 ELIKIENDVYEAQLAGYKSLVSRVLVPEKISLANSIRVLAMERPIHVLKTT
 EVADGILDKMCPGLVLLIVESRNLVQJASLIRNSGLKLGKEARSNAIL
 AKVITTEALIPDSVQKLIQVTSREIPIILKLDVLDVIPRGSNKLVSQIDSTKIP
 VLGHDGI CHVYVDKSNAMDIAKHIVLDKVDYPAACNEMTLVHKDLVQCGNOL
 IVELRNEGVTLVGPASLALNLPEASFEHEYNSSACVEIVDVHSAIDHIBHS
 AHDCIIEADLEVAEVEFLRQVDSAAVFHNASTFCGARGGLAGGWISRSIHRGPV
 GVEGLITPRWIIIRGNQVNVNDKGVTLHPQAYPRALSLSHSLGGLNNVGLGTF
 DIFPCNGRVRVMTLDLKEVITYQ"

ORIGIN

Query Match 44.9%; Score 1143.6; DB 8; Length 2374;
 Best Local Similarity 71.4%; Pred. No. 4,6e-274;
 Matches 1536; Conservative 0; Mismatches 609; Indels 7; Gaps 2;

QY 98 CATGGAGAGCTGACCCCTCCGAGCTTCGTGAGGACGTGAAGCGGTATCATCA 157
 Db 53 CATGACGCCATGATCAACTCGAGCTTTGTTAAGACGTTAAGCGCTGATATCA 112
 QY 158 GGTGGGCACTGCACTGTCTCCAGACAGATGAGATGAGCTTTGGGAGGGTGGAGC 217
 Db 113 GTTGGGACCTGCTGTGTCTACCTGCTGTATGAGATTTAGCACTCGAAGACTGATGC 172
 QY 218 TCTGTGACAGAGATTAAAGAACTGAATCTTTAGATACGAAGTATTTGGTCACTC 277
 Db 173 ACTTTGTGACAGATCAAGAAATTTGAATCTCAAGATATCGAGTATGTTGTCAATC 232
 QY 278 AGGTGCTGTTGAGAGTGGGGGACAGGACTTGTATGATGATGATGATGATGATGATG 337
 Db 233 AGGTGCTGTTGAGAGTGGGGGACAGGACTTGTATGATGATGATGATGATGATGATG 292
 QY 338 TGTGATCTGCAAAAGCCACAGATGAGATTAATGAGAAAGCTTGTCCGCTGTGTCA 397
 Db 293 TGTGATCTGCAAAAGCCACAGATGAGATTAATGAGAAAGCTTGTGTGAGCTGTGGACA 352
 QY 398 GATGAGACGATGAGCTTTAGATATGTTGTTTAAACCACTGATGATGATGATGATGATG 457
 Db 353 AAATTAACCTTATGAGCTCTCTATGACATTAATTTAGCCAGTGAAGTGAACATGCTCA 412
 QY 458 ACTTCTGTACACGACAGATTTTGAAGAACCAAGTTCCGGAGCAACTGATGAAC 517
 Db 413 GCTTCTGTGACGATGATGATTTTGAAGTGAAGTTCCGAAATCAACTTATCAAC 472
 QY 518 TGTGATGATTTTATGATCTTAAAGTTATACATATTTATGAAATGATGCCATCG 577
 Db 473 AGTGATTAATGTTAGCTTTGAGGTTATCTTATTTATGAAATGATGCCATG 532
 QY 578 CACTAAGAAAGCTCATATGAGATTCATCTGTATATCTGGGATATGAGATTTAGC 637
 Db 533 AACAGAAAGCTCATATGAGATTTCTTGGGAATTTTGGATTAATGAGATTTAGC 592
 QY 638 AGGACTGTTGACATGGAAGCTGAAGCTGATCTCTTATTTGCTGACGATGATGATG 697
 Db 593 AGGCTACTGCTGCTGACACTTAAAGCTGACCTCTGTTCTTATTTGAGGATGATGATG 652
 QY 698 GTTATAGTGTCCACAGATGACCATCATCAAAATCATACACATTAATTAAGA 757
 Db 653 TCTTTATAGTGTCCCTCAGTATGACAGTCTTTATCTAATCATACATCTGGAATA 712
 QY 758 AAGCATACAGAAATATCATTTTGGAGACAAATCTGTTAGTATGAGAGGATGAC 817
 Db 713 AGGTCAATCAGGACAGATTAATTTTGGAGACAAAGTGAAGGATGAGAGGATGATGAC 772
 QY 818 AGCAAAAGTGAAGGCTGTGCTGCTCAATATGCGGCAACCTGTGTTATTAAG 877

Db 773 TGGCAAGTAAATCTGAGTTTATCTCAGGCTGGCAATTCCTGTTTATTAAGTAG 832
 Qy 878 TGGGTTTAAATGAGGAGATTTCTTAAGTTCTTCATGGGGAAAAATGGTCTCTCT 937
 Db 833 TGGGTTTAAATGAGGAGATTTCTTAAGTTCTTCATGGGGAAAAATGGTCTCTCT 892
 Qy 938 TCACAAAGATGCGAATTTGGGGAATCACTAAGGATTTAAGTCTGAGATGGCTGT 997
 Db 893 TCATCGAGATGCTTAATATGGGTACAAGTTAAAGATGGCCGACGTGAATGGCAGT 952
 Qy 998 TGGCGCAAGAGATTTCTCAAGGAGCTAAGAAATTTGTCTCAAGAGAAAGAAAAAGAT 1057
 Db 953 TGGCAAGAGGAAAGTTTCAGGCGCTTCAGGCAATGTTCTTCAACAAACAGAAAGAT 1012
 Qy 1058 ATTGCTAGATGTTGACAGTCTTTCAGAGGCAATAGAGATTTAAGTCTGAGATGA 1117
 Db 1013 TTTTACTGACATAGCAATGACCTGGAACAAAGAAAGACTGATTAATTAATGAATGA 1072
 Qy 1118 AGCTGATGATGCTGGGCGCCAGTGTCTGATATGAAGGCTTTGGTGTCTGATTTGAC 1177
 Db 1073 TGTGATGTTGAGGACAGACAACTGGCTGATATGAAGAAATCAATGTTTCAAGGCTGT 1132
 Qy 1178 TATTAACACAGAAAGATAGCAGCCTTGCAGAAATCTATTGTAACCTTGCAGAAATATGA 1237
 Db 1133 TCTTAAGCTTGGAAAGATTTCAAGCTTGCAGAACTCAATTCGTGTCTTGCAGAACTGA 1192
 Qy 1238 AGACCTTATTAACAGATTAATTAAGAAAGACAGAGTGTCTGATATTTAGTTCTTGAGA 1297
 Db 1193 AAGACCAATTTGATGTTTGAAGAAAGCTGAAGTTGAGATGATGATTTCTTGAAGAA 1252
 Qy 1298 AAGATCTTGGCCATTTAGGTTCTCTTAATTTTGGATCCGACCTGATATCCCTTGTGT 1357
 Db 1253 GATGTCATGCCATTTAGGTTGTCTCTTAATTTTGGATCTGACCAATCTCTGTGT 1312
 Qy 1358 TCAGATGATCTTTTGGCAATTCAGATGATGATGTTCTCTCTTAAGAGTGAAGAA 1417
 Db 1313 ACAATGATCTTCAATAGCAATCCGAAAGGGAATGACCTTCTGAAAGTGAAGAAAG 1372
 Qy 1418 AGCTATCAGATCAACAGATATTTGCAATAGGTTATTAAGTCTTCTCTGATATGT 1477
 Db 1373 GGGCAAGGATCTAATGCAATCTTGCAGAAAGTTATTAAGGCAATTCAGACAGTGT 1432
 Qy 1478 TGTGAAAAAATTTTGGCTTGTGTAACAATAGATGATGAGATTTGCTTAAGCT 1537
 Db 1433 TGGGAAAGAGTATTTGGAATCTTGTGATCAAGAGAGAGATCTTCTCTCAAGCT 1492
 Qy 1538 TGAATGATCTTATGATCTTGTCTCTCAACAGAGAGATTAATGATGCTTCTCTCAATCA 1597
 Db 1493 TGAATGATGATCTTGTCTCTCAACAGAGAGATTAATGATGCTTCTCTCAATCA 1552
 Qy 1598 GGGCAAGGATCTTGTCTCTTGGCAATGCTGATGATATGCAAGATATATATGA 1657
 Db 1553 GGAATCAACAAAAATTTCTGTTCTGGGCAATGCTGATGAGCACTGCGACCTTATGTCGA 1612
 Qy 1658 CAATACAGCTGACATGATATGCAAAATCTTATTTGATGATGCAAAATCTGATTAACC 1717
 Db 1613 CAAGCTGCTGATATGATGATGCAAGAGCATGATGATGCAAAATGATTAATTC 1672
 Qy 1718 AGCAGCTGCAATGCAATGAGAGCTTACTAGTTCAATAGAGTCTTATGAAGTCCAGG 1777
 Db 1673 TGCAGCTGATATCAATGAGAAACCTTCTTGAACAAGAGATTTAGTGAAGCTGGTG 1732
 Qy 1778 CTTTGAAGACATATTAAGACATTAAGAAAGAGAGTAAATATTTATGATGAGCTAT 1837
 Db 1733 CTTGAATGAGCTTATGATGATGAGCTGCGCAATGAAGGGTTACTTTATGATGAGCAAAA 1792
 Qy 1838 TGGCAGCAAAAGCTTGGGATTTCAAAAGCTTTTCAATTCATGATGATGATGAT 1897
 Db 1793 GGCAGAGTCTTGTGATCTTCCAGAGGCTCACTTTTCAATCAAGAGATTAATTCAT 1852
 Qy 1898 GGCCTGACCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1957
 Db 1853 GGCCTGACCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1912

Qy 1958 TGAAGTGTCTCAATAGATTTGATGCTGATCAAGATGATGAAGTGAAGAGACATTTCT 2017
 Db 1913 TGAAGTGTCTCAATAGATTTGATGCTGATCAAGATGATGAAGTGAAGAGACATTTCT 1969
 Qy 2018 AGCAGAGTGTGATGATGCTGCTGATTTCAATATGCAAGTCAAGATTTCTGATGAGGCG 2077
 Db 1970 GGCAGAGTGTGATGATGCTGCTGATTTCAATATGCAAGTCAAGATTTCTGATGAGGCG 2029
 Qy 2078 TGGTTTGTGATGATGCTGCTGATTTCAATATGCAAGTCAAGATTTCTGATGAGGCG 2137
 Db 2030 TGGTTTGTGATGATGCTGCTGATTTCAATATGCAAGTCAAGATTTCTGATGAGGCG 2089
 Qy 2138 AGTGGGTTTGAAGGCTCTTCAATCAACAGATGATCTTGGCAGAGCGTGGGCAAGTGT 2197
 Db 2090 AGTGGGTTTGAAGGCTCTTCAATCAACAGATGATCTTGGCAGAGCGTGGGCAAGTGT 2149
 Qy 2198 GAATGATGCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2245
 Db 2150 GAATGATGCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2201

RESULT 11
 MTR278818 2520 bp mRNA linear PLN 06-JAN-2003
 LOCUS MTR278818
 DEFINITION Medicago truncatula mRNA for pyrroline-5-carboxylate synthetase 1 (p5CS1 gene).
 ACCESSION AJ278818
 VERSION AJ278818.1 GI:27527060
 KEYWORDS p5CS1 gene; pyrroline-5-carboxylate synthetase 1.
 SOURCE Medicago truncatula (barrel medic)
 ORGANISM Medicago truncatula
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots; rosids; eucosids I; Fabales; Fabaceae; Papilionoideae; Trifoliaceae; Medicago.

REFERENCE
 1 Armengaud, P.A. and Savoure, A.
 Contribution of both glutamate and ornithine pathways to stress responsive and developmental regulation of proline accumulation in Medicago truncatula
 Unpublished
 2 (bases 1 to 2520)
 REFERENCE
 Armengaud, P.A.
 Direct Submission
 Submitted (09-AUG-2000) Armengaud P.A., Biology, University, 33 rue Saint Leu, 80039 Amiens, FRANCE
 FEATURES
 source
 1..2520
 /organism="Medicago truncatula"
 /mol_type="mRNA"
 /variety="R108-1"
 /db_xref="taxon:3880"
 /country="France"
 1..2520
 /gene="p5CS1"
 71..2218
 /EC_number="1.5.1.12"
 /function="first step of proline biosynthesis"
 /product="pyrroline-5-carboxylate synthetase 1"
 /protein_id="CAC82184.1"
 /db_xref="GI:27527061"
 /db_xref="GOA:O8GU99"
 /db_xref="SPTRMBL:O8GU99"
 /translation="MANADPCRDYKVKRIIVGVAVTVTRDGRALAVKGLACED
 LKANTIGYEVILVSSGAVGVGRQLRYRKLIGSFADLPQVPELQKAAVAGS
 LMAVYDDLPQDLVTSQQLVTDNDFPDPRNLSSTVSLALVKIPIFNEDVDS
 TRKAPYEDSSGIFMDNDLSALLALEKADLLILSDVDGILNPSDPPLSKLTHYI
 KEKONETTFGDKSRVGGWTAVKASVHAADGIPVITISGAAENLRFKLOGRI
 GLTFHKDAHKVPEKVDVREMAVAARDCSRLOAVSSEERKOLLINIAIDLSRE
 IRIENADVAAQBAQYKELVALVLTLSKNTVGLANIRIRIAMMEDPIGRVLRTEL

Db 2051 CGATTGATTAGGCGCAGAGTTGGATTAATGATACAGAGGATGATGTCGGGGTCA 2110
 Qy 2139 GTGGGTTGAAGTCTCTTAATACTACAGATGATCTTGGGAGAGTGGGCAAGGGTG 2198
 Db 2111 GTAGGAGTTGATGATGTTTAAACACAGATGCTCTCAAGGAATGACAGATGATA 2170
 Qy 2199 AATGTGACAGAGATGCTGTACACCCATA 2229
 Db 2171 GATGTGATAAAAAGTTACCTATACCCACA 2201

RESULT 12
 AF314812 2529 bp mRNA linear PLN 06-FEB-2001
 LOCUS Brassica napus delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthetase B mRNA,
 DEFINITION complete cdt.
 AF314812
 VERSION AF314812.1 GI:12667250

SOURCE Brassica napus (rape)
 ORGANISM Brassica napus

REFERENCE 1 (bases 1 to 2529)
 Kang, Y.H. and Lee, S.Y.
 TITLE Isolation of a gene encoding the delta 1-pyrroline-5-carboxylate
 synthetase B in Brassica napus

JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 2529)
 Authors Kang, Y.H. and Lee, S.Y.
 TITLES Direct Submission
 JOURNAL Submitted (19-OCT-2000) Lab. of Biochemistry, Graduate School of
 Biotechnology, 1, 5-Ka, Anam-dong, Sungbuk-Ku, Seoul 136-701,
 Rep. of Korea

FEATURES
 Source Location/Qualifiers

1..2529
 /organism="Brassica napus"
 /mol_type="mRNA"
 /db_xref="taxon:3708"
 120..2303
 /note="Bnp5c82"
 /codon_start=1
 /product="delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthetase B"
 /protein_id="BAK01361.1"
 /db_xref="GI:12667251"
 /translation="MEDIDRSRAKADYKRIIVKVGTAVTGKGRILALRLGALICE
 OLAELNSDFEVLIVSSGAVLGRQLRQLVNSPADLQKPELDLGGKACAGVGS
 SLAAVYETMFDQMDVTAQMLVTDSPFRKDPKOLSEYKMLKRYIIPVENDAI
 SRRKAPYKSTGI FWDNDSLALALAEKADLLILSDVEGLYNGPSPDPKSLITMY
 VKEKQSEITPSEKSLRGKMTAKYKAAVNAAYGIVPITTSIGTAENIKAVKGLR
 VETLFRQDLHARVVDITSRDMAVNAESRSKQLALSSSEDKNILLIDIANLENEK
 IIAKENDLVAAQAGYBESLVARLVMPKISLSIASIRQLAMEDPIRIVKTE
 VADGLLEKTSPLGLLIVESRPDLASLIRSGNGLLGGKEARSRNALIH
 KYTDAIPRTVGSLGIVTSRDEIPDLKLDVLDIVIPRSGNTLVQIKNSSTIPIV
 LGHADIICHYVYDKSCVKNMARVVSADALDYPAKMAETLVHKDLONGVANELI
 YLQANGVTLVGGPKASCKLNTBEVKSFEHYSRACTVEIYEDVGHAIIDIIHONGSA
 HNDCIYTESVVAEIFLROYDSAAVINASTRFCGFRPGLCAEVEIGISTSKIHANGPV
 GVEGLITKIMVKGQVVDGNGVAIYHKDLPVLEKTAQVNGH"

ORIGIN

Query Match 44.1%; Score 1124.4; DB 8; Length 2529;
 Best Local Similarity 70.2%; Pred. No. 2,9e-269;
 Matches 1509; Conservative 0; Mismatches 641; Indels 0; Gaps 0;

Qy 109 TCGACCCGTCGGGAGCTTCGTGAGGAGCGTCAATCAAGGTTGGCACTG 168
 Db 133 TAGATGTTCCCGCGCTTCGCGCAGAGCGTTAAGGTATCGTTGCAAGTTGGAGACG 192
 Qy 169 CAGTTGTCACAGACAAGATGAGATGAGCTTTGGGCGAGGTTGAGAGCTGTGCGAGC 228
 Db 193 CAGTTTACAGGAGAAAGGTGAGAAAGTTGGCTTGGCCGCTTAAAGAGCTATCTCGAGC 252

Qy 229 AGGTAAGGAATGAATCTTTAGATACGAAGTATTTGGTCACTCGAGTCTG 288
 Db 253 AGCTTGCAATTAATCACTCGAGTGTGTTGAGGTCATTGTGGTCTTCTGGTGGGTTG 312
 Qy 289 GAGTGGGCGCAGACGACTTATAGTACGGAAGCTTGTCAATAGACGCTTGTGATGTC 348
 Db 313 GTCTTGAGTCGCAAGGCTTAGATACAGACAATTAATGACACAGAGCTTGGACACTTC 372
 Qy 349 AAAAGCCACAGATGAGTATGATGAAAGCTTGTGCGCTGTGTGTCAGAGTGGACTGA 408
 Db 373 AGAAGCCACAGACTGAACCTTATGATGGAGAGCTTGTGCTGTGTGGAACAAGAGTCTCA 432
 Qy 409 TGGCTCTTACGATATGTTGTTTAAACCACTGATGTCGTGCACTCACTTCTTGTCA 468
 Db 433 TGGCTTACATAGACATATGTTTGAACCAATGATGATGAGGTTGCTCAATATGTTGTA 492
 Qy 469 CCGACAGTATTTAGAACCCAAAGTTCGGGAGCACTCACTGAACTGTGAGTCAT 528
 Db 493 CTGATACAGATTTCAGAGATTAAGGATTTCAAGAGCACTTATGAGACAGTCAAGCTTA 552
 Qy 529 TATTAGATCTTAAGTATTAACAATATTTATGAAATGATGCGATCAGACTGAAG 588
 Db 553 TGTGAAATGAGACTTATTCAGCTTTTCAAGGATGATGCTATTAAGCACTCGAAAG 612
 Qy 589 CTCCATATGAGATTCATCTGTATATTCGGGATTAATGACAGTTAGCAGACTGTGG 648
 Db 613 CCCCTTCAAGAGATTTACTGATATATTTTGGGATATGACAGTTAGCTGTCTACTGG 672
 Qy 649 CACTGGAACGTAAGCTGATCTCTTATTTGCTCATGATATGATGGTTGTATAGT 708
 Db 673 CGCTTGAAGTGAAGCTGATCTTTTATTTCTTCTGATGAGCTTGAAGGCTTTTACACTG 732
 Qy 709 GTCCACCAAGTGAACCATCATCAAAATCATACACTTATATTAAGAAAGCATCAGC 768
 Db 733 GTCTTCAAGAGATTCATCAATCAAAAGTATCCACATACGTTAAAGAAACACAGG 792
 Qy 769 AAGAAATCACTTTTGAAGACAATCTGCTGATGATGAGAGGATGACAGCAAAAGTGA 828
 Db 793 AAGAGATTACCTTTGGGAGAAAGTCCAGATTAGAGACAGAGTGTATGACGTCAAAAGTTA 852
 Qy 829 AGGCTGCTGCTTGGCTTCAATAGAGGCAACCTGAGTATTAACAAGTGGTTGA 888
 Db 853 AAGCTGCTGTTATGACAGCTTATGCTGAGCTTCTGTTATCAATACAGTGGTTATGAG 912
 Qy 889 ATCGAGACATCTTAAAGTCTTCATAGGGGAAAAAATTTGACTCTCTTTCACAAGATG 948
 Db 913 CTGAGATATATAGCTAAAGTCTTAAAGGACGTGCTGTGTACTTGTTCACCAAGATG 972
 Qy 949 CGAATTTGGGAAATCATTAAGAGTTTATGCTGAGATGAGGCTGTGGCGCAAGAG 1008
 Db 973 CACATTTGGGCTAGAGTGTGATATCTACTTGTGCAATGAGCGATGCTGCAAGG 1032
 Qy 1009 ATTGTTCAAGGCATCTACAGAAATTTGTCTACAGAGAACGAAAAAATATTCCTAGATG 1068
 Db 1033 AAAGTCTTAAAGAGCTTCAAGCTTTGTCTTCAAGATAGGAAAAATCTCTAGATA 1092
 Qy 1069 TTGAGATGCTTTGAGAGGCAAAAGAGATTTATAGCTCTGAGATGAGCTGATGAG 1128
 Db 1093 TAGCAAGCTCTTAAAGCAAAAGAGAAATTAATTAAGCTGGAATGATTAAGATG 1152
 Qy 1129 CTGCGGCCAAGTTGCTGATATGAGAGGCTTGTGTTGCTATGATGATTAACAG 1188
 Db 1153 CTGAGACAAAGAAAGCTGATATGAGAGAGCTTTGTAGTGTGTTAGTTATGAGAGCTG 1212
 Qy 1189 GAAAGATAGCAAGCTTGGCAAAATCTATTGTGACCTCTGCAATATGAGAAACCTTATA 1248
 Db 1213 GAAAGATCTCAAGCTTGGCACTTCTATTGCGCAGCTAGCTGAAATGAGAAACCAATG 1272
 Qy 1249 ACGAGATACCTTAAGAAAGACAGAGTGTGATGATTTAGTTCTTGAAGAAACATCTTGC 1308
 Db 1273 GTCTGTCTTAAGAAAGAACTGAGTGTGCAATGCTTATTTAGAGAAACCTCATC 1332
 Qy 1309 CATTAGGTGTTCTCTTAATGTTTGTGAGTCCGACCTGATGCTTGTGATGATTCAT 1368

```

Db      1333  CATTGAGGCTTCTGATGTTGTTGATCCGCTCGATGCACTGTTCAAGTACTT 1392
Qy      1369  CTTTGCAATTCGAAGTGTATGCTCTTCTCTTAAAGTGAAGAAAGATCATCAT 1428
Db      1393  CACTTGCAATGAGAGTGGAAATGCTCTTCTGGAAGGAGGAAAGAGGCTGTGAT 1452
Qy      1429  CAAACGATATGATTAAGTTATTAAGTATGCTATCTCTGTAAGTTGTTGTAAC 1488
Db      1453  CAAATGCTATCTTACACAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1512
Qy      1489  TTATGAGCTTGTCTCAACTAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1548
Db      1513  TCATGAGATGTTGTGCTCTGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1572
Qy      1549  TTGATCTTGTCTCACTCAAGAGAGATTAATTAAGTCTCTCTCAATCAAGCTCA 1608
Db      1573  TTGATCTTGTCTCACTCAAGAGAGATTAATTAAGTCTCTCTCAATCAAGCTCA 1632
Qy      1609  AGATTCCTGCTTCTGAGGATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1668
Db      1633  AAATCCGATGCTGAGGATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1692
Qy      1669  ACATGATATGAGCAAACTTATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1728
Db      1693  AAGTACATGAGCAAACTGTTGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1752
Qy      1729  ATGCAATGAGAGCTTACTAGTCA TAAGATCTTAAAGATGATGATGATGATGAT 1788
Db      1753  ACGCATGAGAACTCTTCTGATCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1812
Qy      1789  TATTAGTACCTAATAAAGAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1848
Db      1813  TTATATAGCCCTGAGAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1872
Qy      1849  CTTTGAGATTTCCAAAGCTGTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1908
Db      1873  AACTAACAATTCGGAAGTAAATATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1932
Qy      1909  TTGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1968
Db      1933  TTGAATTTGTAAGAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1992
Qy      1969  ATACGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2028
Db      1993  AACTGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2052
Qy      2029  ATAGTGTGCTGATTTTATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2088
Db      2053  AAGTGTGCTGATTTTATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2112
Qy      2089  TGGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2148
Db      2113  TTGATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2172
Qy      2149  AAGGCTCTCTTAATCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2208
Db      2173  AAGGATTTATGCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2232
Qy      2209  AAGATGTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2258
Db      2233  ATGATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2282

```

RESULT 13
 AB056452 2791 bp mRNA linear PLN 24-OCT-2003
 DEFINITION Vigna unguiculata VAP5CS mRNA, complete cds.
 ACCESSION AB056452
 VERSION AB056452.2 GI:37951331
 KEYWORDS
 SOURCE Vigna unguiculata (cowpea)
 ORGANISM Vigna unguiculata

Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
 rosids; eurosids I; Fabales; Fabaceae; Papilionoideae; Phaseoleae;
 Vigna.
 1
 Iuchi, S.
 Drought inducible gene from cowpea
 Unpublished
 2 (bases 1 to 2791)
 Iuchi, S.
 Direct Submission
 Submitted (26-FEB-2001) Satoshi Iuchi, RIKEN, Plant Molecular
 Biology, Kouyada 3-1-1, Tsukuba, Ibaraki 305-0074, Japan
 (E-mail: iuchi@ric.riken.go.jp, Tel: 81-298-36-4359,
 Fax: 81-298-36-9060)
 On Oct 24, 2003 this sequence version replaced gi:13161404.
 COMMENT
 FEATURES
 source
 /organism="Vigna unguiculata"
 /mol_type="mRNA"
 /db_xref="taxon:3917"
 1..2791
 /gene="VAP5CS"
 64..2319
 /gene="VAP5CS"
 /codon_start=1
 /protein_id="BAB3037.1"
 /db_xref="GI:13161405"
 /translation="MELLONGKAPRSIPVYNGALTHNLSPOTPSGNIDSRAT
 VSKVRLIVKGTAVTRSDGRLALGRIGALCEQLEKSSQFEVILTSVAVGGRQ
 RLRKRLANSSFSIDLOKQGLDGAACAQSSALMALYDITMSQDLVTSQDLVNDG
 FPRDGFRLKSLSDIVNALDLRLVPIFNENAVSTRKAPYEDSSGIEMNDGSLGLA
 LELKADLVLSDEVLGSPSPDPSKLIHTYVEKQGEITFEDKSLRSGIMETAK
 VNAACAAHAGIPVILITGYATNNIIRVLQERIGITVEKDAHLMNSNKESSABEMAV
 SARSRRLQILKRSRRIIATADALAKNASISLENEDVADVAIVAGVENSLSR
 LTKRKESKAKSVRYLAAMEPIGQILKTEIADKILKESCPGLVILVIESRP
 DALVOIALALRSVGLLKGKKEAQRNALIKVTVISVNTVGDKILGVNSRDEI
 PVLKLDIVTIDLVPRGSKLVSOIKESKTLVYGLHAGDILCHVYVDKSAKIDMKQII
 RDAKTDVPACANMETLLVHKDLSNNGGILNELVVELQREGYLVGGPRAQILNIIVET
 SAHFEYSISLACTVEIVEDVPAIINHIEHSASVETEDREVAEFLQVDSAAV
 FNASTRPDGGRFGLGAEVGIISTRIHARGVVEGLTRWILIRSGHVVNDGQI
 NYTVLELPELA"

ORIGIN

Query Match 43.8%; Score 1115.6; DB 8; Length 2791;
 Best Local Similarity 70.1%; Pred. No. 4,5e-267;
 Matches 1499; Conservative 0; Mismatches 639; Indels 0; Gaps 0;

```

Qy      109  TGAACCCGCGCGAGCTTCGAGAGGACGTGAAGCGGTCATCATCAAGTGGGACATG 168
Db      176  TCGATCTTCGAGAGCTTCGCTCCAAAGTCAAGCGCTCATTTTAAGGTTGAACG 235
Qy      169  CAGTTGCTCCAGACAGATGAGATGCTTTGGGAGAGGTTGAGACTGTGCGAGC 228
Db      236  CTGTTGTACTCGAAGATGAGATGAGATGAGACTGTGAGATGAGACTCTTGTGAGC 295
Qy      229  AGGTTAAGAACTGAACCTTTAGATACGAAGTATTTGGTCACTCAAGTGTGTTG 288
Db      296  AGCTTAAAGAACTTGCTCTCAAGATTTGAAGTACTGCTGAATCTCAAGTGTGTTG 355
Qy      289  GAGTGGGCGACAGAGACTTAAAGTACCGGAAGCTTGTCAATAGCAGCTTGTGATG 348
Db      356  GCCTTGGCAGGCAAGAGACTTAAATTCGCAATTTGGCCATAGCAGTTTCTGATCTTC 415
Qy      349  AAAAGCCACAGATGAGATTAAGTGAAGAGCTTTGCGCGCTGTGTGTGATGATGAC 408
Db      416  AAAAGCCACAGATGAGATTAAGTGAAGAGCTTTGCGCGCTGTGTGTGATGATGAC 475
Qy      409  TGGCTCTTAAGATTAAGTTGTTTAACCAACTGATGTCTGCGATCTCAACTCTTGTCA 468
Db      476  TGGCTCTTAAGATTAAGTTGTTTAACCAACTGATGTCTGCGATCTCAACTCTTGTCA 535
Qy      469  CCGACAGTATTTTGAAGAACCAAGTTCCGGGAGCAACTCACTGAATCTGTGATCAT 528

```

Db 536 ATATGATTTTTTTAGGATGCTGGCTTCAGAAAACAATTTCCGACACAGAGGAGCGCT 595
 Qy 529 TATTAGATCTTAAAGATTATCCAAATTTTATATGAAATGATGGCATCAGCACTAGAAAG 588
 Db 596 TATTAAATTTAAAGGTTATCCCATTTTCAATGAAATGATGCTGTATCTACAGAAAG 655
 Qy 589 CTCATATAGAGATTCATCTGATATTCCTGGATTAATGACAGTTTAGCAGAGCTGGTG 648
 Db 656 CACCAATACAGAGATTTCTTCTGATTTTCTGGGCAATACAGTTTGGCTGACATTTAG 715
 Qy 649 CACTGGAATGAAAGCTGATCTCTTATTTCTGCTAGATGATGATGATGATGATGATG 708
 Db 716 CCTTAAGATCTTAAAGCTGATCTCTTATTTATGATGATGATGATGATGATGATG 775
 Qy 709 GTCCACCAAGTGAACATCATCAAAAATCATCACCTTATATTAAGAAAGCATCAGC 768
 Db 776 GTCTCCAGATGAGCCCAACTCAAGTTGATCCACATATGTAAGAGAAACATCAG 835
 Qy 769 AAGAAATCACTTTGAGACAAATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 828
 Db 836 GGGAAATTTACTTTTGGAGCAAGTCAAGATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 895
 Qy 829 AGCTGCTGCTTGGCTTCAAAATAGCGGCAACCTGATGATTTACAGATGGCTTTGAA 888
 Db 896 ATCTGCGGTTGCTGCTCATGCTGATCCCTGATTTAATCTAGTGGCTATGCTA 955
 Qy 889 ATCGAGCATCTTAAAGTTCTTATGAGGAAAAAATGTAATCTCTTCAAGAAATG 948
 Db 956 CAACAAATATCAACGGGTTCTTCAAGGAAAAAATGATGATCTTCTCAATAAGATG 1015
 Qy 949 CGAATTTGTTGGATCATCTAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1008
 Db 1016 CTCACTTTGAGCAATATTAAGAAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1075
 Qy 1009 ATGTTCAAGGCACTTACAGAAATTTGCTATCAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1068
 Db 1076 AGAGTTCTAAGAGATCTCAGATCTTCAAACTGAAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1135
 Qy 1069 TTGCAAGATGTTTGAAGCAATGAGATTTATTAAGTCTGAGATGAGAGAGAGAG 1128
 Db 1136 TTGCTGATGATTTGAGAAAAATGCAAGTCAATATGCTTGAATGAGAGAGAGAG 1195
 Qy 1129 CTGCGGCGCAAGTTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1188
 Db 1196 CTGATCTGCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1255
 Qy 1189 GAAGATAGCAAGCTTGCAGAAATCTATTCCTGCAAAATAGAGAGAGAGAGAGAG 1248
 Db 1256 AGAAGATCTTAAAGCTTGCAGAAATCTGCTGCAATGTTGCAAGTATGAGAGAGAG 1315
 Qy 1249 ACCAATATCTTAAAG 1308
 Db 1316 GTCAAAATTTTAAAG 1375
 Qy 1309 CATTAGAGTTCTTAAATGTTTGAAGTCCGAGCTGATGATGATGATGATGATGATG 1368
 Db 1376 CTTTGGAGCTTCTGCTGATTTATGAGATCTGACCAATGCTTGTGCAAGATGCTG 1435
 Qy 1369 CTTTGGCAATGAGAGTGTATGCTTCTCTTAAAGAGAGAGAGAGAGAGAGATCA 1428
 Db 1436 CATTGGCAATTCAGAAATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1495
 Qy 1429 CAAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1488
 Db 1496 CAATGATCTTACACAGAGATCTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1555
 Qy 1489 TTATGAGCTTGTACAACTAGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATG 1548
 Db 1556 TTATGAGCTTGTGATGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATG 1615
 Qy 1549 TTATCTTGTCACTCAAGAGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1608

Db 1616 TAGATCTTGTGTTCCCAAGAGAGAGATTAATTAAGTCTGTTCTCAAAATCAGAGAGATCAACA 1675
 Qy 1609 AGATTCCTGTTCTTGGGCAATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1668
 Db 1676 AAATTCCTGTTCTTGGGCAATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1735
 Qy 1669 ACATGATATGAGCAAACTTATGTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1728
 Db 1736 AGATGATATGAGCAAACTTATGTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1795
 Qy 1729 ATGCAATGAGAGACTTATGTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1788
 Db 1796 ATGCAATGAGAGACTTATGTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1855
 Qy 1789 TATAGATGAGAGACTTATGTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1848
 Db 1856 TTGCTGTAATCTCAAGAGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1915
 Qy 1849 CTCTGAGATTTCCAAAAGCTGTTTCAATTCATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1908
 Db 1916 TACTAAATATGTTGAAACAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1975
 Qy 1909 TTGATGTTGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1968
 Db 1976 TTGAATTTGAGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2035
 Qy 1969 ATACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2028
 Db 2036 ATACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2095
 Qy 2029 ATATGCTGCTGATTTTCAATATGCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2088
 Db 2096 ACAGTGTGCAAGTTTCCAAATGCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2155
 Qy 2089 TTGCTGCTGAGTTTGGCATAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 2148
 Db 2156 TTGCTGCAAGAGTTTGAATTTAGCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2215
 Qy 2149 AAGCTCTTAACTACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2208
 Db 2216 AGGTTTATTTAGCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2275
 Qy 2209 AGATGCTGCTGATTTTCAATATGCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2246
 Db 2276 AAGCAATCAATACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2313

RESULT 14
 AF314811
 LOCUS 2551 bp mRNA linear PLN 06-FEB-2001
 DEFINITION Brassica napus delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthetase A mRNA,
 complete cds.
 ACCESSION AF314811
 VERSION AF314811.1 GI:12667248
 KEYWORDS
 SOURCE
 ORGANISM
 Brassica napus (rape)
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
 rosids; eurosids II; Brassicales; Brassicaceae; Brassica.
 REFERENCE
 1 (bases 1 to 2551).
 Kang Y.H. and Lee S.Y.
 Isolation of a gene encoding the delta 1-pyrroline-5-carboxylate
 synthetase A in Brassica napus
 Unpublished
 2 (bases 1 to 2551)
 Kang Y.H. and Lee S.Y.
 Direct Submission
 Submitted (19-OCT-2000) Lab. of Biochemistry, Graduate School of
 Biotechnology, 1, 5-ka, Anam-dong, Sungbuk-ku, Seoul 136-701,
 Rep. of Korea
 FEATURES
 Location/Qualifiers
 1..2551

CDS

```

/organism="Brassica napus"
/mol_type="mRNA"
/db_xref="taxon:3708"
94..2247
/contig="Bnap5c1"
/codon_start=1
/product="delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthetase A"
/protein_id="BAK01360.1"
/db_xref="gi:12667249"
/translation="MEELDRSRPAKDVKEIVKVTAVVTKGRLALRLGALCEQ
LAELNSDFEVLIVSGAVGKQRLRQLVNSFPDKRQINTEVSMLELRIPIFENDNIS
TRAPYODSSGI FMDNLSIALALEKEDLILSPVELYTGPSPDKSLIHPI
KEKHODETPRDKRLRGCGCTATKAVNVAAGIVITSSYAAENIDKRLGARV
GTRHODARKLAPITDSTARDNAVAAESSRKLQASSEDRKQILSIDALAMERT
IRANEDLVATAGAESESLVAVLVTPAKISLSASVRLKDMEDIPGRVAKTEV
ADGLVLEKTSPLGLIVLVESEPDALVOIASLIRSGNGLKGGKEARSNALHK
VITDAIPETVGGKLIQVTSREELPDILKLDVLDVLPKSNKLVSOIKNTKIEVL
GHADGI CHVYDKACNDMAKRIIVSDAKLDPACAMETLLVHKLEONAVNEILF
ALONGVTLVGGPRASKILNPEARSENHEGSKACTVEVEVDYGVADHIIHGSAL
TDCIYTEDPEVAELFLROVDSAAVFNHNASRSPGPRFLGAVGISTGRIHARGVG
VEGILTRMIRNGKGVYVDNDNGITTHODIPDA"

```

ORIGIN

```

Query Match      43.5%  Score 1108.4;  DB 8;  Length 2531;
Best Local Similarity 69.4%  Pred. No. 2.8e-265;
Matches 1508;  Conservative 0;  Mismatches 666;  Indels 0;  Gaps 0;

```

```

QY 73 GCCTAGGCTAGGAAGCGGTTTCGCATGCGGAGCGTGCACCCGCCGAGCTTCGTGA 132
DB 68 GAGAGAGGTTTGTAGGCGGGGACAAATGAGAGCTAGATCGTTCAGCGGCTTGCTA 127
QY 133 GGGAGCTGAGGCGGCTCATCATCAAGTGGGCACTGCGATGTCTCCAGACAAGATGAA 192
DB 128 AAGAGCTGAGCGTATCTCTGTTAAGTGGGAACAGCTGTTGTAACTGGGAAAGCTGAA 167
QY 193 GATTGGCTTTGGGCGAGGTTGAGCTCTGTGCGAGCGAGTTTAAAGAACTGAATCTTTAG 252
DB 188 GATTGGCTTTGTGCTGCTAGAGCTCTGTGTGAACAGCTTCCGAAATTTAACTCGGATG 247
QY 253 GATAGAGATGATTTTGTCACTCAGGTGCTGTGTGAGTGGGGCGACAGGACTTAGT 312
DB 248 GATTGAGGTGATCTTGTGTGATCAGGTGCGGTTGCGCTTGGCCGCAAGGCTTGCT 307
QY 313 ACCGGAAGCTTGTCAATAGCAGCTTGTGATCTGCAAAAGCCACAGATGAGTTAGT 372
DB 308 ACAGACAGTGTGATGAGCAGCTTGGGATCTCCAGAAAGCTCAGAGATTAATGATG 367
QY 373 GAAAGGCTTGGCCGCTTGTGAGAGTGAAGTGAAGCTTTAGATATGTTGTTA 432
DB 368 GGAAGGCTTGTGCTGTGTGACAAAGCAGTCTCATGCTTATATGAGCTATGTTG 427
QY 433 ACCAAGTGAATGTCGTGATCTCACTTCTGTGACCGACAGTGAATTTGAGAACCAA 492
DB 428 ACCAAGTGAATGTCGTGATCTCACTGCTGTGAGTGAATGACAGTGAATTTGAGAACCA 487
QY 493 AGTTCGGGAGAACTCACTGAAATCTGTGAGTCAATTAAGATCTTAAAGTTTACCA 552
DB 488 AGTTCAGAGCACTTATAGAGAGAGTGAAGTCCATGCTTGAATTTAGGGTTATTTCTTA 547
QY 553 TATTGAATGAATATGATCCATCAGACTAGAAAGGCTCCATATGAGGATTCATCTGTA 612
DB 548 TTTTCAATGAGACATGCTATTTAGCACCAAGAGCTCTTATCAAGATTCATCTGGCA 607
QY 613 TATTCTGGGATATAGAGCTTTAGCAGAGCTGTTGGCACTGGAACCTGAAGTATCTCC 672
DB 608 TCTTTTGGGATATAGCAGCTTATGCTGCTATTGGCCCTGAGACTGAAGCTATCTTC 667
QY 673 TTAATCTGCTAGTATGATGAGTGGTGTATAGTGTCCACCAAGTAAACATCATCAA 732
DB 666 TTAATCTTGTAGTATGCTGAGAGCTCTTATACCTGGCCCTCCAGTGAACCTTAACCTCA 727
QY 733 AATATACACACTTATATTAAGAAAGCATCAGCAAGAAATCACTTTTGGAGCAAAAT 792

```

```

DB 728 AACTATCCACACTTTCATCAAGGAAACATCAAGAGATTAATTTGGCACAAGT 787
QY 793 CTCGTGATAGTGAAGAGGCAATGACAGCAAAAGTGAAGCTGCTGTCTGCTTCAATA 852
DB 788 CAAAGCTGAGAGAGAGGCAATGACAGCAAAAGTGAAGCTGCTGTCTGCTTCAATA 847
QY 853 GGGGCAACCTGTGTTTATCAATGAGGCTTTGAAATGCGAGCATTTTAAAGTTCTC 912
DB 848 CTGTGATCTCTGCTCATCAATCAAGTGGCTATGAGCTGAGAAACATGATTAAGTCTTA 907
QY 913 ATGGGAAAAAATTTGCTCTCTCTTCAAGAAATGCAAAATTTGGGAATCATCTAAG 972
DB 908 GAGAGCTGCTGTGAACTGTTTCCATCAAGATGCTGTTTATGGCTCTTCAAG 967
QY 973 ATGTATGATCTGTGATGATGCTGTGCGGCAAGATTTTCAAGCATCTACAGAAAT 1032
DB 968 ATTCTACGCTCTGATCAATGAGAGTGTGCGAGGAAAGTTCCAGAAAGCTTCAAGGCT 1027
QY 1033 TGTCAATCAGAGAGCAAAAAAGATATTGTAGATGTTGCAAGATGCTTTGAGGCAATG 1092
DB 1028 TATCTTGGAGATAGAGAGCAATCTGTATAGTATGCAAGTCTTGAAGCAATG 1087
QY 1093 AGGATTTAATAGTCTGAGAAATGAGCTGATGATGCTGCGCCCAAGTCTGATATG 1152
DB 1088 AAAAAAATCAGAGCTGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1147
QY 1153 AGAGCTTTGGTCTGCTGATTTGATTAATAACAGAAAGTATGCAAGCTTCAAAAT 1212
DB 1148 AGAGCTATGAGTGTGCTGCTGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1207
QY 1213 CTATTCGATCCTTCAATATGAGAAACCTATTAACCAATCTTAAATAAGACAGAG 1272
DB 1208 CAGTTCGATGATCTGATATGAGAAATGAGTGGCGGCTTCTAAAGAAACCGAGG 1267
QY 1273 TTGCTGATGATTTAGTCTTGAAGAAATCTTGGCCATTTAGGTTCTTAAATGTT 1332
DB 1268 TGGCAGATGCTTGTGTTTGAAGAGCTTCAATCCCATTAAGGCTCTGATGTTT 1327
QY 1333 TTGAGTCCGACCTGATGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1392
DB 1328 TTGAGTCTGATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1387
QY 1393 GTCTTCTCTTAAAGTGAAGAAAGCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1452
DB 1388 GTCTTCTATTAAGAGTGAAGAAAGCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1447
QY 1453 TAAGTATGCTATCTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1512
DB 1448 TAAGTATGCTATCTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1507
QY 1513 ATGAGATGCAAGATTTGCTAAAGCTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1572
DB 1508 AAGAGATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1567
QY 1573 GATATAGTGTGCTCTCAATCAAGGCTCACTAAGATTCCTGTTGGGCAATGCTG 1632
DB 1568 GCAACAGCTTGTTCAGATTAATAAACAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCA 1627
QY 1633 ATGATATGCAAGATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1692
DB 1628 ATGATATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1687
QY 1693 TATGATGCAAAAACTGATTTCCAGAGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1752
DB 1688 TTTCTATGCAAAAGTGAATTTCCAGAGCTTGTGAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCA 1747
QY 1753 ATAGAGATCTTATGAGAGCTCAGAGCTTGAAGATTTATGATGATGATGATGATGATGATG 1812
DB 1748 ATAGAGATCTGAGAGCAAGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1807
QY 1813 GAGTATATTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1872

```


Db 1808 GAGTCACTTGTATGATGAGCAGAAAGCAATTAATACTTAACCTACCAAGAACCGGT 1867
Qy 1873 CATTTCATCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1932
Db 1868 GGTTCATCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1927
Qy 1933 CAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1992
Db 1928 GGTTCATCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1987
Qy 1993 ATGATTAAGTGAAGAGACCTTTCTACGAGAGATTGATGATGATGATGATGATGAT 2052
Db 1988 ATCCGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2047
Qy 2053 CAGTCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2112
Db 2048 CAGGACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2107
Qy 2113 CAGGCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2172
Db 2108 CAGGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2167
Qy 2173 TCTTGAG 2232
Db 2168 TAATGAG 2227
Qy 2233 GTCCTCTTTCGAA 2246
Db 2228 ACATTCACATCCAA 2241

RESULT 15
ATP5CS2 2440 bp mRNA linear PLN 15-NOV-1997
LOCUS A.thaliana mRNA for pyruvate-5-carboxylate synthetase.
DEFINITION Y09355.1 GI:1669657
ACCESSION P5CS2 gene; pyruvate-5-carboxylate synthetase.
VERSION Arabidopsis thaliana (thale cress)
KEYWORDS Arabidopsis thaliana
SOURCE Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
ORGANISM Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
rosids; eustosids II; Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsis.
1 (bases 1 to 2440)
Scrizhov,N., Abraham,E., Okresz,L., Bickling,S., Zilberstein,A.,
REFERENCE Schell,J., Komcz,C. and Szabados,L.
AUTHORS Differential expression of two P5CS genes controlling proline
TITLE accumulation during salt-stress requires ABA and is regulated by
JOURNAL ABA1, ABI1 and AXR2 in Arabidopsis
MEDLINE Plant J 12 (3), 557-569 (1997)
PUBMED 98012527
REFERENCE 2 (bases 1 to 2440)
AUTHORS Scrizhov,N.
TITLE Direct Substitution
JOURNAL Submitted (11-NOV-1996) N. Scrizhov, Max-Planck-Inst. fuer
Zuechtungsforsh., Abt. J.Schell, Carl-Von-Linne-Weg 10, D-50829
Koeeln, FRG
COMMENT Corresponding genomic sequence: X86778.
FEATURES
source
1. 2440
/organism="Arabidopsis thaliana"
/mol_type="mRNA"
/sub_species="ecotype Columbia"
/db_xref="taxon:3702"
/clone="DMS21"
1. 2440
/gene="P5CS2"
75. . 2255
/gene="P5CS2"
/codon_start=1
/product="pyruvate-5-carboxylate synthetase"
/protein_id="CAA70527.1"

/db_xref="GI:1669658"
/db_xref="NCBI:P54888"
/translation="MTIDRSRAFDVRIIVKVGTAVTGKSLALGRGALICEQ
LAELNSDFEVLIVSGAVLGRQRLRYRDLVNSPDLKPEWELDKACAVQS
LMAVETMPDLQVTVQMLVDSFDDQFRQVLSVAMKREVI PFENNDQIS
TRAPYDSTGIFPMNDLSLALSLKDLILSDVEELVYGPSPDSKLIHFI
KEKHODEITFGESKLGSGGTAKVAAVAAKDLITSGVAENISKVRGRI
KAFPHODAHMAVDTTSRDMVAARESPKIALSSEPKIIDLINALERNKT
IKANEDLVAAQAEYSBESLVARLVKREKISLASVQLAMEDPEIRVUKTQV
ADDLIEKISPIGLVIVRESRDLVQIASLISNGLLKGKEARSAVILK
VITDAIPEVGGKILGLVSRERIPLDKLDVYIDVTPGSKLVQIKNSTPIVL
GHADGICHVVDVSGKIDMAKRIVSDAKLDVPAACAMETLVHDLBQNFSDILY
VLQADGVTLYGPRASAKINIPEKSFHEYSKACVPIITSGVADVYADIIHOGSH
TDCIVDESEVAIEPIROYNSAAVFNASFRSDFGFGAVGVSTSIHARPGV
VEGLITRMIMRKGQVVDSDNGIVYTHDLPLOKTEAVENGI"

ORIGIN

Query Match 43.1%; Score 1099.6; DB 8; Length 2440;
Best Local Similarity 69.5%; Pred. No. 4,4e-263;
Matches 1492; Conservative 0; Mismatches 654; Indels 0; Gaps 0;

Qy 97 CCATGGGAGCGTCGACCCGTCGAGAGCTTCGTGAGGAGCTGAGCGGTATCATCA 156
Db 73 CTATGACGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 132
Qy 157 AGTGGGAGCTGACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 216
Db 133 AGTGGGAGCTGACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 192
Qy 217 CTCTGTCGAGCAGAGTTAAGAACTGAACTCTTGAAGATGCAAGTATTTGGTCACT 276
Db 193 CTATCTGGAACAGCTTCGAGAGTTAACTCAATGATTTGAGGTCATTTGGTGTCTAT 252
Qy 277 CAGGTGCTGTGAGAGTGGGGCAGCGACTTGAACCGGAGCTTGCATATAGGAGCT 336
Db 253 CTGGTCCGCTGTGCTGTCGACAAAGGCTTGATGATGACATTTGATGACAGAGCTT 312
Qy 337 TTGCTGATGCAAAAGCCAGATGAGATGAGAAAGCTTGTGCGCTGTGGTGC 396
Db 313 TTGAGATTTTACAGAACCCCAATGGAATTATGAGAAAGCTTGTGCTGTGGTGC 372
Qy 397 AGATGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 456
Db 373 AGAGCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 432
Qy 457 AACTTCTTGCACCGACAGATGATTTGAGAACCCAAAGTCCGGAGCAACTCATGAA 516
Db 433 AATAGCTTGTGACCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 492
Qy 517 CTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 576
Db 493 CTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 552
Qy 577 GCACTAGAAAGGCTCATATGAGATTCATCTGATATCTGGATTAATGACAGTTAG 636
Db 553 GCACTGCAAGGCCCTTACAGATTTCTACTGATATTTGGATTAATGACAGCTTAG 612
Qy 637 CAGCATGTTGGGACCTGGAACCTGAAGCTGATCTCTTATTTGCTCAGATGATGATG 696
Db 613 CCGGCTCTTGTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 672
Qy 697 GGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 756
Db 673 GCTTTACACTGCGCCCTCCAGAGATTTCTACCTCAAAATTAATACACATTTATTAAG 732
Qy 757 AAAGCATGACAGAAATCACTTTTGAAGACAAATCTGCTGATGATGAGAGGATGA 816
Db 733 AAAAACAACAGAGAGATTTACTTTGGCGAAAGTCAAAATTAAGACAGGGGATATGA 792
Qy 817 CAGCAAAAGTGAAGGCTGCTGTCTTGGCTTCAATGCGGACACCTGTGATATTAACA 876
Db 793 CTGCAAAAGTTAAAGCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 852

QY 877 GTGGATTGAAAATCGAGCATCTTAAAGTCTTCAAGGGAATAATGGTACTCTCT 936
 DB 853 GTGATATGCAAGTGAATAATAGTATCTTAAAGATCGCGTGTGGTACTCTCT 912
 QY 937 TTCCAAAGATGCCAATTTGTGGGAATCATCTAAAGATGTTAATTAATCTCGGAAATGGCTG 996
 DB 913 TCCATCAAGATGCTCATTTTAAGGCTCCGGTCTGATGATCTCTCTCGATGATGAGCAG 972
 QY 997 TTGCGCAAGAGATTTGTCAAGGATCTCAAGATTTGTATGATGAGGAAAGAAAAAGA 1056
 DB 973 TTGCTGCAAGGGAAGAGCTCAAGAAAGCTTCAGGCTTATCTTCAAGAAATAGAAACAA 1032
 QY 1057 TATGCTAGATGTTGCGAGATGCTTTGAGGCAATGAGATTTAATTAAGTCTGAAGATG 1116
 DB 1033 TTTCACAGCATTTGCGCAATGCTTGAAGTAAATGAGAAACAAATTTAAAGCTGAAGATG 1092
 QY 1117 AAGCTGATGTAAGTGTGCGCCCAAGTGTGGAATATGAGAGCTTTGTTGCTAGATTTGA 1176
 DB 1093 ATTGATGATGTTGCGAGCAACAGAGCTGATTAAGAGTCTTTGTTGATGCTGCTTAG 1152
 QY 1177 CTATPAAACAGAAAGATAGCAAGCTTGCAGAAATATATTCTGATCCCTTGCAATATG 1236
 DB 1153 TTATGAAAGCTGGGAAAGATCTCAAGCTTGCAGCTTCCGTTCCGAGCTAGCCGAATG 1212
 QY 1237 AAGACCTATPAAACAGATCTTAAAGAGAGAGCTTGTGATGATTTAGTCTTGAGA 1296
 DB 1213 AAGATTCATAGGCGCGATATTAAGAAACTCAGGTTGCAAGATGATCTTATTTTAGAG 1272
 QY 1297 AAGATCTTGCCCATTAAGTGTCTTAAATGTTTGAAGTCCGAGCTGATGCTTGG 1356
 DB 1273 AGACCTCATCACAATAGTGTGTTCTTGAATGTTTGAATCCGCGCTGATGCACTTG 1332
 QY 1357 TTGATTTGATCTTTGGGCAATGGAAGTGTATGCTTCTTCTPAAAGTGGAAG 1416
 DB 1333 TTCAATAGCTTCCCTTGCAATCCGAGTGAATGCTTCTGCTGAAGGAGTGGAAG 1392
 QY 1417 AAGCTATCAGATCAACAGATATGATTAAGGTTATTAAGTGTATTCCTGATATG 1476
 DB 1393 AGGCTCGATCAATGATCTTCAACAAAGTATCACTGATGCAATCCGAGACTG 1452
 QY 1477 TTGCTGAAAACTTATGGCTTGTACACTAGATGAGATGCGAGATTTGCTAAAG 1536
 DB 1453 TTGAGGTAACTGATAGGATCTGTGACTTCAAGAGAGATTCCTGATTTGCTCAAGC 1512
 QY 1537 TTGATGATGTCATGATCTTGTCACTCCAGAGAGATTAATTAAGTGTCTCTCAATCA 1596
 DB 1513 TTGATGATGTCATGATCTTGTCACTCCAGAGAGATTAATTAAGTGTCTCTCAATCA 1572
 QY 1597 AGGCTCACTTAAGATCTTGTCTTGGGCACTGATGATTAAGCAGTATATG 1656
 DB 1573 AAACTCGACGAAATCCAGTGTAGCCCACTGATGATCTGATGATTAATGTTG 1632
 QY 1657 ACAATCAGTGAATGATGCAAACTTATTTGATGATGCAAAACTGATTAAC 1716
 DB 1633 ATTAAGTCTGATTAAGTGAATGCAAAAGGCACTTTTCCGATGCAAAAGTGAATATC 1692
 QY 1717 CAGAGCTGCAATGCAATGAGACTTACTAGTTCAATTAAGATCTTATGAAGTCCAG 1776
 DB 1693 CAGAGCTGCAATGCAATGAGACTTACTAGTTCAATTAAGATCTTATGAAGTCCAG 1752
 QY 1777 GCCTTGAAGATTAATTAAGTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1836
 DB 1753 TTCTGATGATCTTATTAATTTCTGCAACCAAGGCTGATCTTATGATGAGGCTCA 1812
 QY 1837 TTGCGCAAAAGCTGTGGATTTCCAAAAGCTTTCAATTCATGATGATTAATTTCTA 1896
 DB 1813 GAGCAAGTCAAACTGAATATTCGGAACCAAAATCATTTCAACAGATTAAGTTCCA 1872
 QY 1897 TGGCTGCACTGATGATGATTTGATGATGATTTGATGATGATTTGATGATGATTTGATG 1956
 DB 1873 AGGCTGCACTGATGATGATTTGATGATGATTTGATGATGATTTGATGATGATTTGATG 1932

QY 1957 ATGGAAGTCTCATACAGATTTGATTCCTCACTACATGATTAAGTTCAGAGACTTTTC 2016
 DB 1933 ATGGAAGTCAACACATGATTTGATGATGAGAGATGAGAGTGAAGATTAATTC 1992
 QY 2017 TACGAGAGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2076
 DB 1993 TCCGCAAGTGAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2052
 QY 2077 CTGTTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2136
 DB 2053 TTAGCTTGAAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2112
 QY 2137 CAGTGGGTTGAAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2196
 DB 2113 CAGTTGAGTGTGAAGATTTATGACACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2172
 QY 2197 TGAATGATGACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2242
 DB 2173 TGATGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2218

Search completed: March 10, 2004, 19:21:58
 Job time : 9582.21 secs

XX The invention relates to a grass plant in which a delta¹-pyrroline-5-carboxylate synthase (P5CS) gene of rice, or a P5CS gene of Arabidopsis thaliana and the antisense gene of a proline dehydrogenase (ProDH) gene of Arabidopsis thaliana, have been introduced in tandemly connected relation to each other. A new method of the present invention is useful for the production of a transgenic rice plant with improved stress tolerance, especially for water or salt stress and low temperatures. The invention provides for transgenic plants with a higher level of proline accumulating ability. The invention also relates to a grass plant obtained by introducing a vector comprising a gene of the invention into a calli or protoplast derived from a grass plant, growing the calli or protoplast to obtain a colony and regenerating a plant body from the calli or colony. This sequence represents DNA encoding the rice P5CS polypeptide of the invention

CC Sequence 2549 BP; 719 A; 453 C; 648 G; 729 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 100.0%; Score 2549; DB 7; Length 2549;

Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0; Mismatches 0; Gaps 0;

Matches 2549; Conservative 0; Indels 0; Gaps 0;

1 GCAGCTGCGCGGAGGCGGCGGAGCGTGGAGAGGAGATTTCAGGTAGAGGAGAGG 60

1 GCGGCTGCGGCGGAGGCGGCGGAGCGTGGAGAGGAGATTTCAGGTAGAGGAGAGG 60

61 TGGAGAGAGAGAGGCTGAGGCTGAGAGAGGCTTCCGCTAGGAGAGGCTGAGAGG 120

61 TGGAGAGAGAGAGGCTGAGGCTGAGAGAGGCTTCCGCTAGGAGAGGCTGAGAGG 120

121 GAGAGCTGAGAGAGAGGCTGAGAGAGGCTGAGAGAGGCTGAGAGAGGCTGAGAG 180

121 GAGAGCTGAGAGAGAGGCTGAGAGAGGCTGAGAGAGGCTGAGAGAGGCTGAGAG 180

181 GACAGAGAGAGAGGCTTGGGCTTGGGCTTGGGCTTGGGCTTGGGCTTGGGCTTGG 240

181 GACAGAGAGAGAGGCTTGGGCTTGGGCTTGGGCTTGGGCTTGGGCTTGGGCTTGG 240

241 TGAAGCTCTTGAAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGAT 300

241 TGAAGCTCTTGAAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGAT 300

301 AGCGATGAGTACCGGAGGCTTGTCAATAGACGCTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 360

301 AGCGATGAGTACCGGAGGCTTGTCAATAGACGCTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 360

361 TGGAGTTGAGTGAAGGCTTGTGCGGCTGTTGAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGA 420

361 TGGAGTTGAGTGAAGGCTTGTGCGGCTGTTGAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGA 420

421 ATATGTTGTTTAAACCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 480

421 ATATGTTGTTTAAACCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 480

481 TTGAAGACCAAGTTCGCGGAGCACTCACTGAAGCTGTGAGTCACTTATTAATCTTA 540

481 TTGAAGACCAAGTTCGCGGAGCACTCACTGAAGCTGTGAGTCACTTATTAATCTTA 540

541 AAGTTATACCAATATTTAATGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 600

541 AAGTTATACCAATATTTAATGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 600

601 ATTATCTGCTATATTTCTGGGATATGACAGTTTGAAGAGCTGTGCACTGGAAGTGA 660

601 ATTATCTGCTATATTTCTGGGATATGACAGTTTGAAGAGCTGTGCACTGGAAGTGA 660

661 AAGCTATCTCTTATTTCTGCTCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 720

661 AAGCTATCTCTTATTTCTGCTCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 720

721 AACCATCATCAAAATCATACACTTATTTAAAGAAAGAGATGAGAGAAATCATCTT 780

721 AACCATCATCAAAATCATACACTTATTTAAAGAAAGAGATGAGAGAAATCATCTT 780

780 AACCATCATCAAAATCATACACTTATTTAAAGAAAGAGATGAGAGAAATCATCTT 780

QY 781 TTGAGACAAATCTGCTGATGAGAGAGGAGATGACAGCAAAAGTGAAGCTGCTCT 840

Db 781 TTGAGACAAATCTGCTGATGAGAGAGGAGATGACAGCAAAAGTGAAGCTGCTCT 840

QY 841 TGGCTTCAAAATGAGGAGCACTGCTGATTAATCAAGGAGGTTTGAAGTGAAGCTTC 900

Db 841 TGGCTTCAAAATGAGGAGCACTGCTGATTAATCAAGGAGGTTTGAAGTGAAGCTTC 900

QY 901 TTAAGTTCTTCAATGAGGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 960

Db 901 TTAAGTTCTTCAATGAGGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 960

QY 961 AATCATCTTAAGAGTGTGATCTGCTGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGAT 1020

Db 961 AATCATCTTAAGAGTGTGATCTGCTGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGAT 1020

QY 1021 ATCTACAGAAATTTGTCATCAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1080

Db 1021 ATCTACAGAAATTTGTCATCAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1080

QY 1081 TGGAGGCAATGAGAGATTTAATAGGCTGAGAGATGAGAGATGAGAGATGAGAGAT 1140

Db 1081 TGGAGGCAATGAGAGATTTAATAGGCTGAGAGATGAGAGATGAGAGATGAGAGAT 1140

QY 1141 TTGCTGATATGAGAGAGCTTGGTGTGCTAGATTTGATTAATTAATTAATTAATTA 1200

Db 1141 TTGCTGATATGAGAGAGCTTGGTGTGCTAGATTTGATTAATTAATTAATTAATTA 1200

QY 1201 GCTTGCAGAAATCTATTTGCTGACCTTGAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1260

Db 1201 GCTTGCAGAAATCTATTTGCTGACCTTGAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1260

QY 1261 TAAAGACAGAGGTTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1320

Db 1261 TAAAGACAGAGGTTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1320

QY 1321 TCTTAATGTTTGTAGTCCGAGCTGATGCTTGTGCTGATGATGATGATGATGATG 1380

Db 1321 TCTTAATGTTTGTAGTCCGAGCTGATGCTTGTGCTGATGATGATGATGATGATG 1380

QY 1381 GAAAGTGTAAAGTGTGCTTCTTAAAGTGTGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1440

Db 1381 GAAAGTGTAAAGTGTGCTTCTTAAAGTGTGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1440

QY 1441 TGCATTAAGGTTTAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1500

Db 1441 TGCATTAAGGTTTAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1500

QY 1501 TTAACAATAAGATGAGATCGAGATTTGCTTAAAGTGTGAGAGAGAGAGAGAGAG 1560

Db 1501 TTAACAATAAGATGAGATCGAGATTTGCTTAAAGTGTGAGAGAGAGAGAGAGAG 1560

QY 1561 CTCGAAGAGAGATTAATAGCTTGTCTCAATCAAGGCTGCACTAAGATTCCTGTTC 1620

Db 1561 CTCGAAGAGAGATTAATAGCTTGTCTCAATCAAGGCTGCACTAAGATTCCTGTTC 1620

QY 1621 TTGGGATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1680

Db 1621 TTGGGATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1680

QY 1681 CAAAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1740

Db 1681 CAAAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1740

QY 1741 CCTTACTAGTTCAATGAAGATCTTATGAAGATCGAGGCTTGAAGACATATTAAGAG 1800

Db 1741 CCTTACTAGTTCAATGAAGATCTTATGAAGATCGAGGCTTGAAGACATATTAAGAG 1800

QY 1801 TAAAGACAGAGAGTAAATATTTAAGTGAAGATGAGAGATGAGAGATGAGAGAT 1860

Db 1801 TAAAGACAGAGAGTAAATATTTAAGTGAAGATGAGAGATGAGAGATGAGAGAT 1860

QY 1861 CAAAGCTGTTTCAATTCATGAGTAAGTCTAATGCGCCGACCTGTGAGTTGTG 1920
 DB 1861 CAAAGCTGTTTCAATTCATGAGTAAGTCTAATGCGCCGACCTGTGAGTTGTG 1920
 QY 1921 ATGATGTTCAATCAGCAATTCAGCAATTCATGAGTAAGTCTAATGCGCCGAC 1980
 DB 1921 ATGATGTTCAATCAGCAATTCAGCAATTCATGAGTAAGTCTAATGCGCCGAC 1980
 QY 1981 TCGTCTCAATGAGTAAGTCTAATGCGCCGACCTGTGAGTTGTG 2040
 DB 1981 TCGTCTCAATGAGTAAGTCTAATGCGCCGACCTGTGAGTTGTG 2040
 QY 2041 TATTCATATGAGTAAGTCTAATGCGCCGACCTGTGAGTTGTG 2100
 DB 2041 TATTCATATGAGTAAGTCTAATGCGCCGACCTGTGAGTTGTG 2100
 QY 2101 TTGGCATTAGCAGAGGCGTATTCATGCGCCGACCTGTGAGTTGTG 2160
 DB 2101 TTGGCATTAGCAGAGGCGTATTCATGCGCCGACCTGTGAGTTGTG 2160
 QY 2161 CTACAGATGAGTCTTGCAGAGCGTGTGAGTAAGTCTAATGCGCCGACCTGTG 2220
 DB 2161 CTACAGATGAGTCTTGCAGAGCGTGTGAGTAAGTCTAATGCGCCGACCTGTG 2220
 QY 2221 ACAACCATAGAGTCTTGCAGAGCGTGTGAGTAAGTCTAATGCGCCGACCTGTG 2280
 DB 2221 ACAACCATAGAGTCTTGCAGAGCGTGTGAGTAAGTCTAATGCGCCGACCTGTG 2280
 QY 2281 TAGGTGAATATCTTTTGAAGTAAGTCTAATGCGCCGACCTGTGAGTTGTG 2340
 DB 2281 TAGGTGAATATCTTTTGAAGTAAGTCTAATGCGCCGACCTGTGAGTTGTG 2340
 QY 2341 CTATATGCGGCAATCCGATGAGTAAGTCTAATGCGCCGACCTGTGAGTTGTG 2400
 DB 2341 CTATATGCGGCAATCCGATGAGTAAGTCTAATGCGCCGACCTGTGAGTTGTG 2400
 QY 2401 CAAAATTAATATGATGAGTCTGAGAGCAAGTCTTGCAGAGCGTGTGAGTTGTG 2460
 DB 2401 CAAAATTAATATGATGAGTCTGAGAGCAAGTCTTGCAGAGCGTGTGAGTTGTG 2460
 QY 2461 AAGTAATATGATGAGTCTGAGAGCAAGTCTTGCAGAGCGTGTGAGTTGTG 2520
 DB 2461 AAGTAATATGATGAGTCTGAGAGCAAGTCTTGCAGAGCGTGTGAGTTGTG 2520
 QY 2521 ACTAATATGATGAGTCTGAGAGCAAGTCTTGCAGAGCGTGTGAGTTGTG 2549
 DB 2521 ACTAATATGATGAGTCTGAGAGCAAGTCTTGCAGAGCGTGTGAGTTGTG 2549
 RESULT 2
 ID AAV15744 standard; cDNA to mRNA, 2549 BP.
 AC AAV15744;
 XX
 DT 05-JUN-1998 (first entry)
 DE Rice delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase cDNA.
 XX
 KM Rice; delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase; salt resistance;
 XX moisture loss; ds.
 XX
 OS Oryza sativa.
 FH Key Location/Qualifiers
 FT CDS 99..2249
 FT /tag= a
 XX /product= "delta-1-pyrroline-5-carboxylate_synthase"
 PN JP10057069-A.
 PD 03-MAR-1998.
 XX

PF 22-AUG-1996; 96JP-00221465.
 XX
 PR 22-AUG-1996; 96JP-00221465.
 XX
 PA (HITA) HITACHI LTD.
 XX
 DR WPI; 1998-210402/19.
 XX
 DR P-PSDB; AAM47389.
 XX
 FT Rice delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase gene - useful for providing
 PT salt resistance and preventing moisture loss in plants.
 XX
 PS Claim 1; Page 3-9; 9pp; Japanese.
 CC The present sequence encodes rice delta-1-pyrroline-5-carboxylate
 CC synthase, which can be used to provide salt resistance and prevent
 CC moisture loss in plants, improving crop yield
 XX
 SQ Sequence 2549 BP; 719 A; 453 C; 648 G; 729 T; 0 U; 0 Other;
 Query Match 98.2%; Score 2502; DB 2; Length 2549;
 Best Local Similarity 98.7%; Pred. No. 0;
 Matches 2516; Conservative 0; Mismatches 33; Indels 0; Gaps 0;
 QY 1 GCGGCTGCGGCGGCAAGCGGCGGAGAGTGTGAGAGGAGTTTACAGGTGAGGAGGAGG 60
 DB 1 GCGGCTGCGGCGGCAAGCGGCGGAGAGTGTGAGAGGAGTTTACAGGTGAGGAGGAGG 60
 QY 61 TTGAG 120
 DB 61 TTGAG 120
 QY 121 GAGGCTGCGGCGGCAAGCGGCGGAGAGTGTGAGAGGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 180
 DB 121 ACCGCTGCGGCGGCAAGCGGCGGAGAGTGTGAGAGGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 180
 QY 181 GACAAAGTGAAG 240
 DB 181 GACAAAGTGAAG 240
 QY 241 TGAATCTTTAG 300
 DB 241 TGAATCTTTAG 300
 QY 301 AGGACTTGAAG 360
 DB 301 AGGACTTGAAG 360
 QY 361 TGGAGTGAAG 420
 DB 361 TGGAGTGAAG 420
 QY 421 ATATGTTGTTTAAACCACTGAGATGTCGTATCTCACTCTGTTGACCGAGAGAGATT 480
 DB 421 ATATGTTGTTTAAACCACTGAGATGTCGTATCTCACTCTGTTGACCGAGAGAGATT 480
 QY 481 TTGAGAACCAAG 540
 DB 481 TTGAGAACCAAG 540
 QY 541 AAGTTATACCAATATTTATGAGAAATGATCCATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 600
 DB 541 AAGTTATACCAATATTTATGAGAAATGATCCATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 600
 QY 601 ATTATCTGATATATTTGAGAGATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 660
 DB 601 ATTATCTGATATATTTGAGAGATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 660
 QY 661 AAGCTGATCTCTTATCTGCTCAGAGATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 720
 DB 661 AAGCTGATCTCTTATCTGCTCAGAGATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 720
 QY 721 AACCATATCAAAATATATACACTTATTTAAAGAAAAGCATGAGAGAGAGAGAGAGAG 780

Db 721 AACCATCTCAAAATCTACACCTTATTTAAAGAAAGCATACGAAAGAAATCACTT 780
 Qy 781 TTGAGACAAATCTCGTGTAGTAGAGAGCATGACAGCAAAAGTAAGGCTGTCT 840
 Db 781 TTGAGACAAATCTCGTGTAGTAGAGAGCATGACAGCAAAAGTAAGGCTGTCT 840
 Qy 841 TGGCTCAAAATAGGGGACACCTGTGTATTTCAATGGGTTGAAAATCGAGAGCTC 900
 Db 841 TGGCTCAAAATAGGGGACACCTGTGTATTTCAATGGGTTGAAAATCGAGAGCTC 900
 Qy 901 TTTAAGTCTTCATGGGAAAAAAATGGTACTCTTTTCAAGAAATGGCAATTTGGG 960
 Db 901 TTTAAGTCTTCATGGGAAAAAAATGGTACTCTTTTCAAGAAATGGCAATTTGGG 960
 Qy 961 AATCATCTAAGAGATGTAGTCTGTGTAGATGGCTGTGCGGCAAGAGATTTTCAAGC 1020
 Db 961 AATCATCTAAGAGATGTAGTCTGTGTAGATGGCTGTGCGGCAAGAGATTTTCAAGC 1020
 Qy 1021 ATCTACAGAAATTTGTATCAGAGAGACGAAAAAGATTTGTATGTATGTGAGATGCTT 1080
 Db 1021 ATCTACAGAAATTTGTATCAGAGAGACGAAAAAGATTTGTATGTATGTGAGATGCTT 1080
 Qy 1081 TGGAGGCAATAGAGATTTAATTAAGTCTGAGAAAGAGCTGATGTAGTGTGCGGCCAAG 1140
 Db 1081 TGGAGGCAATAGAGATTTAATTAAGTCTGAGAAAGAGCTGATGTAGTGTGCGGCCAAG 1140
 Qy 1141 TTGCGATATGAGAGGCTTGTGTGTAGATGATCATTAATAACGAGAAAGATAGCA 1200
 Db 1141 TTGCGATATGAGAGGCTTGTGTGTAGATGATCATTAATAACGAGAAAGATAGCA 1200
 Qy 1201 GCGTTGCAAAATCTATTTGTATCCCTTGCAATATGAGAAAGCCTTAATAACGAGTACTTA 1260
 Db 1201 GCGTTGCAAAATCTATTTGTATCCCTTGCAATATGAGAAAGCCTTAATAACGAGTACTTA 1260
 Qy 1261 AAAAGACAGAGGTCCTGATGATTTAGTCTTGAAGAAACATCTTGGCCATTAGGCTTC 1320
 Db 1261 AAAAGACAGAGGTCCTGATGATTTAGTCTTGAAGAAACATCTTGGCCATTAGGCTTC 1320
 Qy 1321 TCTTAATGTTTGTAGTCCGAGCTGTATGCTGTGATGATGATGATGATGATGATGATG 1380
 Db 1321 TCTTAATGTTTGTAGTCCGAGCTGTATGCTGTGATGATGATGATGATGATGATGATG 1380
 Qy 1381 GAAAGTGATATGCTTCTCTTAAAGGTGAGAAAGAGCTATATGATCAACATAT 1440
 Db 1381 GAAAGTGATATGCTTCTCTTAAAGGTGAGAAAGAGCTATATGATCAACATAT 1440
 Qy 1441 TGCATTAAGTATTAATCTATCTATCTCTATCTCTATCTCTATCTCTATCTCTATCTCT 1500
 Db 1441 TGCATTAAGTATTAATCTATCTATCTCTATCTCTATCTCTATCTCTATCTCTATCTCT 1500
 Qy 1501 TTACAATAGATAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATG 1560
 Db 1501 TTACAATAGATAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATG 1560
 Qy 1561 CTCGAAGAGAGATTAAGCTGTCTCAATCAAGGCGTCACTAAGATCTCTGTTTC 1620
 Db 1561 CTCGAAGAGAGATTAAGCTGTCTCAATCAAGGCGTCACTAAGATCTCTGTTTC 1620
 Qy 1621 TTGGGATGCTGATGTATATGAGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATG 1680
 Db 1621 TTGGGATGCTGATGTATATGAGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATG 1680
 Qy 1681 CAAAATTAATGTATGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATG 1740
 Db 1681 CAAAATTAATGTATGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATG 1740
 Qy 1741 CTTACTAGATCATTAAGATCTTAATGAGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATG 1800
 Db 1741 CTTACTAGATCATTAAGATCTTAATGAGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATG 1800
 Qy 1801 TAAAACGAGAGATTAATTAATTAATGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATG 1860
 Db 1801 TAAAACGAGAGATTAATTAATTAATGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATG 1860

Db 1801 TAAAACGAGAGATTAATTAATTAATGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATG 1860
 Qy 1861 CAAAAGCTGTTTCAATTCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1920
 Db 1861 CAAAAGCTGTTTCAATTCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1920
 Qy 1921 ATGATGTTCAATCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1980
 Db 1921 ATGATGTTCAATCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1980
 Qy 1981 TCGTCACTACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2040
 Db 1981 TCGTCACTACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2040
 Qy 2041 TATTCATTAAGCAAGTACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2100
 Db 2041 TATTCATTAAGCAAGTACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2100
 Qy 2101 TTGGCATTAAGCAAGGCGTATCCATGCGCGTGAACAGAGTGTGTAAGGTTCTTTAA 2160
 Db 2101 TTGGCATTAAGCAAGGCGTATCCATGCGCGTGAACAGAGTGTGTAAGGTTCTTTAA 2160
 Qy 2161 CTACACATGATGATCTTGGAGAGAGCTGGGCAAGTGTGATGATGATGATGATGATGATG 2220
 Db 2161 CTACACATGATGATCTTGGAGAGAGCTGGGCAAGTGTGATGATGATGATGATGATGATG 2220
 Qy 2221 ACACCATTAAGAGTCTTCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2280
 Db 2221 ACACCATTAAGAGTCTTCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2280
 Qy 2281 TAGTGATATCTTCTTAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2340
 Db 2281 TAGTGATATCTTCTTAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2340
 Qy 2341 CTTATGCGGCAATCTCCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2400
 Db 2341 CTTATGCGGCAATCTCCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2400
 Qy 2401 CAAAATTAATTCATCACTGTTGAGAGCAAGTTTGAAGTTGAGGTTGAGCTTCCATGAT 2460
 Db 2401 CAAAATTAATTCATCACTGTTGAGAGCAAGTTTGAAGTTGAGGTTGAGCTTCCATGAT 2460
 Qy 2461 AAGTAATTCAGTTCTGAGAACTGTGTAGCAAGCGGTATGCTGTATGAGAGCAT 2520
 Db 2461 AAGTAATTCAGTTCTGAGAACTGTGTAGCAAGCGGTATGCTGTATGAGAGCAT 2520
 Qy 2521 ACTAATCTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2549
 Db 2521 ACTAATCTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2549
 RESULT 3
 ABZ14061
 ID ABZ14061 standard; DNA; 2181 BP.
 XX
 AC ABZ14061;
 XX
 DT 21-JUN-2003 (first entry)
 XX
 DE Arabidopsis thaliana stress regulated gene SEQ ID NO 1866.
 XX
 KW Arabidopsis thaliana; plant; gene; stress; transgenic; ds.
 XX
 OS Arabidopsis thaliana.
 XX
 PN MO200216655-A2.
 XX
 XX 28-FEB-2002.
 PD 24-AUG-2001; 2001WO-US026685.
 XX
 PF 24-AUG-2000; 2000US-0227866P.
 XX
 PR 26-JUN-2001; 2001US-0264647P.

Db 1681 CTCATGATCTTATTATGTTCTGCAACCAAGCCCTGCTTGTGTGGGCGCAAGA 1740
 Qy 1839 GCGCAAAAGCTCTGGGATTTCCAAAAGCTGTTTCATTTCATGAGTATGTTATG 1898
 Db 1741 GCAAGTGCAGAACTGGAATTTCCGGAACAAATCATTTACCGAGTACAGTTCCAG 1800
 Qy 1899 GCTTCGACTGTTGAGTTGTTGATGATGTTCAATCAGCAATTCACATTCCTTAT 1958
 Db 1801 GCTTCGACCTGTTGAAATTTGAAAGACGTATATGTTGATGATTCATTCACCAAT 1860
 Qy 1959 GGAAGTCTCATACAGATGTTATGCTCATACAGATGTTAAAGTACAGAGACTTTCTA 2018
 Db 1861 GGAATGCACACACTGATTCGATGATGACGGAATGATGAAATGAGAAATTTCTTC 1920
 Qy 2019 CGCAGATGTTGATGCTGCTGTTATTTCAATGATGAGATGAGATTTCTGATGGGCT 2078
 Db 1921 CGCCAAAGTGAAGAGTGTCTGTTTCCACATGCAAGCAAGATTTCTGATGTTT 1980
 Qy 2079 CGTTTGAATGGGCTGAGGTTGGCAATAGCAAGGCGGTATCCAGCCCGTGAACA 2138
 Db 1981 AGGTTGGAATGTTGCTGAGGTTGGAATGAGCAAGCAAGATTCATGCCGTTGCTCA 2040
 Qy 2139 GTGGGTGTTGAGTCTCTTAACCTACAGATGATCTTTCGAGGAGCGTGGCAAGTGTG 2198
 Db 2041 GTTGAAGTTGAAGATTTATGCAACAGATGATGATGAGGAAAGGGAAGATTTGTG 2100
 Qy 2199 AATGTGACAGAGATGCTGTGATCACCCATTAAGATCTTCTCTT 2242
 Db 2101 GATGAGACAAATGAAATGTTTACCCATTAAGATCTTCTCTT 2144

RESULT 4

AA068841 ID AA068841 standard; cDNA; 2417 BP.

AA068841;

07-APR-1995 (first entry)

Delta-pyrroline-5-carboxylate synthetase (P5CS) coding sequence.

Delta-pyrroline-5-carboxylate synthetase; P5CS; proline; crop; biosynthesis; metabolism; sodium chloride; salt; NaCl; drought; ds.

Vigna aconitifolia.

Key Location/Qualifiers

CDS 37..2052 /tag=a /product="Delta-pyrroline-5-carboxylate synthetase"

US5344923-A.

06-SEP-1994.

29-SEP-1992; 92US-00953695.

29-SEP-1992; 92US-00953695.

(OHIS) UNIV OHIO STATE RES FOUND.

Delaney AJ, Verma DPS, Hu CA,

WPI, 1994-285533/35.

P-PSDB; AAR61135.

cDNA clone encoding bifunctional enzyme for proline prodn - useful to prepare transgenic drought resistant plants.

claim 1, Fig 1, 17pp; English.

Delta-pyrroline-5-carboxylate synthetase (P5CS), catalyses the first two

CC steps in proline production in plants. By introduction into a plant of a
 CC P5CS cDNA clone, over production of proline is incurred resulting in
 CC increased sodium chloride tolerance and drought resistance. The method
 CC may be used to enhance crop performance under conditions of salt and
 CC drought stress
 XX

SO Sequence 2417 BP; 695 A; 445 C; 582 G; 695 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 42.9%; Score 1092.8; DB 2; Length 2417;

Best Local Similarity 70.9%; Pred. No. 2.2e-303; Mismatches 617; Indels 6; Gaps 5;

Matches 1519; Conservative 0;

Qy 108 GTGCAACCGTCCCGAGGCTTGGTGAAGGAGCGGATCATCATAGGTTGGGCACT 167

Db 49 GTGATCTCTTCGGGGTTTCATGAGACGTGAAGCGTGTATCATTAAGTTGGACCC 108

Qy 168 GGAATGCTCTCAAGCAAGATGAAAGATTGCTTGGGCAAGGTTGAGCTCTGTGCAAG 227

Db 109 GCGGTGTGCTACGCGGAAGAGAGAGTGAAGGTTGAGATTTGGGAGCTCTGTGCAAG 168

Qy 228 CAGTTTAAGAACTGAATCTTTAGATACGAAGATTTTGTGACCTCAGGTGCTGT 287

Db 169 GCAATTAAGCAATCTCACTCTCGAATACGAATTAATCTCTCTCTGCGCCGCTC 228

Qy 288 GGAATGGGGGCAAGCAAGCTTAAGTACCGGAAGCTTGTCAATAGCACTTGTGATCTG 347

Db 229 GGAATGAGCGCAAGGCTTACGTTTCCGTAATTAATCAAGAGCTTGTGCGCACTT 288

Qy 348 CAAAGCCCAATAGATGATTAATGAAAGGTTTGGCGCTTGTGTGAGAGTGAAGTGA 407

Db 289 CAGAAACCCCACTGAACTGACGCAAGGCTTGGCGCGCTGAGCAAGCAAGTCTC 348

Qy 408 ATGGCTCTTACGATATGTTGTTTAACCACTGATGTCGTCTCACTCACTCTTGTGTC 467

Db 349 ATGGCTCTTACGATATGTTGTTTAACCACTGATGTCGTCTCACTCACTCTTGTGTC 408

Qy 468 ACCGACAGATTTTGAAGACCAAGTTCCGGGAGCACTCACTGAAATCTTGAAGTCA 527

Db 409 ACGATTAAGATTTTGAAGATTAAGATTTTGAAGATTTTGAAGATTTTGAAGATTTG 468

Qy 528 TTATGATCTTAAAGTTATTAACCAATTTATTAAGAAATGATGATGATGATGATGATG 587

Db 469 CTGTTGGCGCTGAAGTTATTCGGGTGTTCAATGAAAGATGATGATGATGATGATGATG 528

Qy 588 GCTCATATGAGATTCATCTGTTATTTCTGGAATTAATGACAGTTTACAGAGCTGTTG 647

Db 529 GCTCCTATGAGATTTCTGTTATTTTGGGATTAATGATGATTTATCTGCTTTATTA 588

Qy 648 GCACTGGAATGAAAGCTGATCTGCTTATTCGCTCAGTATGATGATGATGATGATGATG 707

Db 589 GCTTGAAGTTAAAGCCGATCTCTGTTGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 648

Qy 708 GGTCCACCAAGTGAACCATCATCAAAATCATACACTTATTAATTAAGAAAGATGATG 767

Db 649 GGCCTCCCAAGTGAACCTCATCAAAAGCTTATTAATTAATTAAGAAAGATGATGATG 708

Qy 768 CAAAGAAATCACTTTTGAAGCAAAATCTGTTATGATGATGATGATGATGATGATGATG 827

Db 709 AATGAATTAATCTTTTGAAGCAAAATCTGTTATGATGATGATGATGATGATGATGATG 768

Qy 828 AAGGCTGCTGTTGCTTCAAAATGAGGCAAGCTGTTATTAATTAAGAAAGATGATG 887

Db 769 AAGGCTGCTGTTGCTTCAAAATGAGGCAAGCTGTTATTAATTAAGAAAGATGATG 828

Qy 888 AATCGAGCATTTTAAATTTCTCAATGAGGAAATTTGATGATGATGATGATGATGATG 947

Db 829 CTTGAATTAATCAATTAATTTCTCAAGGCAAAATTTGATGATGATGATGATGATGATG 888

Qy 948 GCGAATTTTGGGAATCATTAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1007

Db 889 GCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 947

Qy 1008 GATTTGTTCAAGGATCTACAGAAATTTGTATGAGAGG-AACGAAAAAAGATTTGCTAGA 1066

Query Match 42.9%; Score 1092.8; DB 2; Length 2417;
 Best Local Similarity 70.9%; Pred. No. 2.2e-303;
 Matches 1519; Conservative 0; Mismatches 617; Indels 6; Gaps 5;

108 GTGACCCGCTCCGAGCTTGTGAGGAGCGTGAAGCCGCTCATCATCAAGTGGGCACT 167
 49 GTGATCTCTTCGGGGGTTTATGAGACCGTGAAGCGTGTGATCATCAAGTTGGCAC 108
 168 GCAATGTTCTCCAGCAAGATGGAAGATTGGCTTTGGCAGGGTTGAGCTCTGTGGAG 227
 109 GGGGTGTCACCTCGGAGAGAGAGGTTAGCGGTGAGAGATTGGAGGCTCTGTGGAG 168
 228 CAGTTAAGAACTGAATCTTTAGATACGAAGATTTGTGACCTCGAGTGTGTT 287
 169 CAGATTAAAGCACTCACTCTCGGATACGATTAATCTGTCTCTCTGCGCCGCTC 228
 288 GAGTGGGGCGCAGCGACTTAGTACCGGAGCTTGCAATAGAGCTTGTGTATCTG 347
 229 GGTATTGGACGCGCAAGGCTACGTTCCGTAAATTAATCAACAGAGCTTGGCGACCTT 288
 348 CAAAGCCACAGATGAGATTAGATGGAAGGCTTGTGCGGCTGTTGTGACAGATGAGCTG 407
 289 CAGAAACCCCACTGAACTCGACGCAAGGCTGTGCGCGCTGTGACAGACAGTCTC 348
 408 ATGGCTCTTTACGATATGTTGTTTACCAACTGATGTCTGTCACTCACTTCTTGTGTC 467
 349 ATGGCTCTTACGATATGCTGTTCATCGATCGATGTGATGATGGGCTCACTTCTTGTG 408
 468 ACCGACAGATTTTGAAGAACCAAGTTCCGGGAGCACTCACTGAACCTGTGTGATCA 527
 409 ACGGATACGATTTTCAGATAGAGATTTGAGGAGAGAGCTTACGACAGCTGTAAGCTG 468
 528 TTATTAGATCTTAAAGTTATACCAATATTATGAAGAAATGATGCCATCAGACATGAAG 587
 469 CTGTTGGCGCTGAAGTTATTCGGTGTTCATGAGACGATGCCGTTAGTACAGAGAG 528
 588 GCTCATATGAGGATTCATCTGTATATTTGGGATTAATGACAGTTTGAAGAGCTGTG 647
 529 GCTCCCTATGAGATCTTCTGTGTATATTTGGGATTAATGATGTTATCTGCTTATTA 588
 648 GCACTGGAACGAAAGCTGATCTCCTTATCTGCTCAGTGAATGGAATGGGTTGATAGT 707
 589 GCTTGAAGTTAAAGCCGATCTCCTTGTGTTGATGATGATGAGAGCTTTTACAGT 648
 708 GGTCCACAGATGAACCATCATCAAAATCATACACACTTATATTAAAGAAAGCATCAG 767
 649 GGCCTCCAGATGACCCCTCATCAAGCTTATTATACATATTAACAAGAAACATCAG 708
 768 CAAAGAAATCATTTTGAAGCAAAATCTGTGATGATGAGAGGATGACAGCAAAAGTG 827
 709 AATGAATATCTTTTGGCAGCAAGCTTGAAGGAGAGGAGGATGATGACCAAGTA 768
 828 AAGGCTGTGTCTTGGCTTCAATATAGCGCACACCTGTGTATTATTAAGTGGGTTGAA 887
 769 AAGGCTGGGCTTCAAGCAGCTGAGCTGACATTCCTGTTGTTATTAACAGTGGTTTGA 828
 888 AATGAGCATTTCTTAAGTTCTTCAATGGGAAAAATTTGTACTCTCTTTCACAGAAAT 947
 829 CCGAATATCATTAATGTTCTTCCAGAGCAACGATATAGAACTCTTCCATTAAGAT 888
 948 GCGAATTTTGGGAATCATCTAAGATGTTAGTACTCGGAGATGGCTGTGGCGCAAGA 1007
 889 GCAATGATGAGGCTCAATTAAGAGGTTATGACGAGATGAGGCTGTGGAGC AGG 947
 1008 GATTGTTCAGGCAATTCAGAAATTTGTATGAGAG -AACGAAAAAGATTTGCTAGA 1066
 948 GATGTTTCAGAAAGGCTCCAGCGTTATCTTCAAGGAGAAAGAAACAAATTTTACTTA 1007
 1067 TGTGAGATGCTTTGAGAGCAATGAGGATTTATTAAGTGTGAGATGAGAGCTGATGT 1126
 1008 AATAGCTGATGCCCTGAGAGCAAAATGAAAAATTAATCAGATTGAAAAATGAGCTGATGT 1067
 1127 AGCTGCGGCCCAAGTGTGATGATGAGAAAGCTTGTGTTGCTAGATGATTAATAAC 1186

1068 TACTGTGACAGAAAGCAGATATGAAAAATCTTGTGGGTAGAGCTTAAAC 1127
 1187 AGGAAGATAGCAAGCTTGCAGAAATCTAATGTAACCTTGCAGAAATAGAGACCTAT 1246
 1128 TGGAGAGATTGCAAGCTTGCAGAAACATGGAAATCATGCAATATGAGATCCAT 1187
 1247 AAACGATATCTTAAAGACAGAGGTGTCTATGATTTAGTCTTGAAGAAACATCTTG 1306
 1188 TGTTCAGATTAATAACGTAACGACCTTCAATGAGGCTTAATTTAGAAACATCATC 1247
 1307 CCCATAGGTTCTCTTATTTGTTTGAAGTCCGACCTGATGCTTGTCAATATGC 1366
 1248 TCCCTTGGAGAGTCTCTTATTTGTTTGAAGTCAAGTCTGATGCTCTTGTACATAGC 1307
 1367 ATCTTGGCAATTCAGAGTGTATGCTTCTCTTAAAGGTGAAAGAAAGCTATCAG 1426
 1308 TTCAATGGCAATCCGAGAGGGAATGGGCTTCTTGAAGAGTGGCAAGAGCTAAGCG 1367
 1427 ATCAACAGATATTCATAGATTATTAATGATGATCTTCTCGTAATGTTGTGAAAA 1486
 1368 ATCAATGCAATTTTGCAGAAAGTATTAATGAGGCTATCCAGATTAATGTTGTGAAA 1427
 1487 ACTTATGAGCTTGTATCAACTAGAGATGATGCAATTTGCTAAGCTTATGATGT 1546
 1428 ACTTATGAGCTTGTATCAACTAGAGATGATGCAATTTGCTAAGCTTATGATGT 1487
 1547 CATGATCTTGTCACTCCAGAGGAATTAATGATGCTTCTCAATCAAGGCTCAAC 1606
 1488 AATGATCTGATATTCAGAGGAGGATTAATGATGCTTCTCAATCAAGGCTCAAC 1547
 1607 TAAGATCTGTTCTTGGCATGCTGATGATTAATGCAAGTATTAATGCAAAATCAG 1666
 1548 TAATACTCGTTTATGATGATGATGATTAATGCAAGTATTAATGCAAAATCAG 1607
 1667 TGAATGATATGAGCAAACTTATGATGATGATGATTAATGCAAAATCAG 1726
 1608 TAAGTGAATGAGGAGCAAGGAGGATTAATGATGATGATTAATGCAAAATCAG 1667
 1727 CATGATATGAGAGCTTCTATGATGATGATTAATGATGATTAATGCAAAATCAG 1786
 1668 CATGATATGAGAAACCTTATGATGATGATTAATGATGATTAATGCAAAATCAG 1727
 1787 CATATGATGAGCACTAATAACAGAGGATTAATGATGATTAATGCAAAATCAG 1846
 1728 GATCATCTTGTGACCTTGAAGCTGATGATTAATGATGATTAATGCAAAATCAG 1787
 1847 AGCTTGGGATTTCCAAAGCTGTTTCAATGATGATTAATGATGATTAATGCAAAATCAG 1906
 1907 TGTGATGATGATGATGATGATTAATGATGATTAATGATGATTAATGCAAAATCAG 1966
 1848 CGCGAAATTTGAGATGAGTGAATGAGTGAATGATTAATGATGATTAATGCAAAATCAG 1907
 1967 TCAATGATGATGATGATGATTAATGATGATTAATGATGATTAATGCAAAATCAG 2026
 1908 ACATGATGATGATGATGATTAATGATGATTAATGATGATTAATGCAAAATCAG 1967
 2027 TGAATGATGATGATGATTAATGATGATTAATGATGATTAATGCAAAATCAG 2085
 1968 AGACAGGCTGCTTGTTCATGATGATTAATGATGATTAATGCAAAATCAG 2027
 2086 GATTGGGTGAGGTTGGCTAAGACAGGCTTATGATGATTAATGATGATTAATGCAAAATCAG 2145
 2028 GACTAAGCGAGAGGTTGAAATTAAGACAGGCTTATGATGATTAATGCAAAATCAG 2085
 2146 TGAAGGCTCTTAACTACAGATGATTTGAGAGAGCTGAGAGAGTGTGATGATGAT 2205
 2086 GTTGAAGATTTTAAACAGATGATTAATGATGATTAATGCAAAATCAG 2144
 2206 ACAAGATGCTGATGATGATGATTAATGATGATTAATGCAAAATCAG 2247

DB 2145 ATAGAGCGCTTCTACACCCAGAAAGACCTTGCAATTAAAT 2186

RESULT 6
ID AB213586 standard; DNA; 2154 BP.
XX AB213586;
AC AB213586;
XX 21-JAN-2003 (first entry)
XX Arabidopsis thaliana stress regulated gene SEQ ID NO 1391.
XX Arabidopsis thaliana; plant; gene; stress; transgenic; ds.
XX Arabidopsis thaliana.
XX WO200216655-A2.
XX 26-FEB-2002.
XX 24-AUG-2001; 2001WO-US026685.
XX 24-AUG-2000; 2000US-0227866P.
XX 26-JAN-2001; 2001US-0264647P.
XX 22-JUN-2001; 2001US-0300111P.
XX (SOCI) SCRIPPS RES INST.
XX (SYCN) SYNGENTA PARTICIPATIONS AG.
XX Harper JF, Kreps J, Wang X, Zhu T;
XX WPI; 2002-304127/34.
XX Identifying a stress condition to which a plant cell has been exposed and
PT producing plants with increased tolerance to these abiotic stresses.
XX Claim 15; SEQ ID NO 1391; 577bp + Sequence Listing; English.
XX The invention relates to identifying a stress condition to which a plant
CC cell has been exposed, comprising: (a) contacting nucleic acid
CC representative of expressed polynucleotides in the plant cell with an
CC array or probes representative of the plant cell genome; and (b)
CC detecting a profile of expressed polynucleotides in the plant cell
CC characteristic of a stress response. The method is useful in the
CC production of transgenic plants, cells and seeds and in producing plants
CC with increased tolerance to abiotic stress. The present sequence is that
CC of an Arabidopsis thaliana stress regulated gene (AB212196-AB217574) used
CC in methods of the invention. Note: The sequence data for this patent is
CC not represented in the printed specification but is based on sequence
CC information supplied to Derwent by the European Patent Office
XX
XX Sequence 2154 BP; 595 A; 412 C; 562 G; 585 T; 0 U; 0 Other;
Query Match 42.6%; Score 1085.6; DB 6; Length 2154;
Best local similarity 69.1%; Pred. No. 2.5e-301;
Matches 1484; Conservative 0; Mismatches 664; Indels 0; Gaps 0;

QY 99 ATGCGAGCGTGAACCCGTCGAGGCTTGTGAGGAGCGTGAAGCGGTCATCATCAAG 158
DB 1 ATGAGAGGAGTAGATCGTTCACGCTTTTCCAGAGACGTCAAACGTATCGCTGAAG 60
QY 159 GTGGGCACTGAGAGTGTCTCCAGACAGATGAGAAATGGCTTTGGGCAAGGTTGAGCT 218
DB 61 GTTGAAGAGAGAGTGTACTGGAAGAGTGAAGATTTGGCTCTTGAAGAGCA 120
QY 219 CTGTGCGAGCAGTTAAGAACTGAAGCTTTAGATAGAGATGATTTGGTCACTCA 278
DB 121 CTGTGTGAACAGCTTGGGAAATTAACCTCGATGATTTAGAGGATATGGTCACTC 180
QY 279 GGTGCTGTGAGAGGAGGAGCAGCGACTTAAGTACCGGAAGCTTGCATACAGCTTT 338
DB 181 GGTGGGTTGTCTTGGAGGCAAGGCTTGTATGACATTAAGCAATGAGGCTTT 240

QY 339 GCTGATCTGCAAAAGCCACAGATGAGATAGATGAAAGGCTTGTGCCCTTTGTGAC 398
DB 241 GCGATCTTCAAGAGCCCTCAGACGTGAACCTTGATGGAGGCTTGTGTGTGAGCA 300
QY 399 AGTGACATGATGAGCTCTTACATATGTTGTTAACCACTGATGTCTGCTCATCTCA 458
DB 301 AGCAGCTTAAGGCTTACTATGAGATATGTTTGAACAGCTTATGAGAGGAGCTCA 360
QY 459 CTTCTTGTCAACGACAGTGAATTTGAGAACCCAAAGTTCCGGAGCACTCACTGAACT 518
DB 361 CTTCTGTGATGACAGTGAATTTGAGAACAGGATTTCCAGGAAGCACTTAAGAACT 420
QY 519 GTTGAATTAATTAAGATCTTAAGTTATACCAATATTTATGAAATGATGATGATG 578
DB 421 GTCAAGTCTAAGCTTGAATTTGAGGTTTTCATTTTCAATGAGATGATGATGATG 480
QY 579 ACTGAAAGGCTCCATATGAGGATTCATCTGTATATTTCTGGATPAATGACAGTTTGA 638
DB 481 ACCGAAAGGCCCATATCAGATTTCTTGTGTATTTCTGGGATPAACGATGCTTACGT 540
QY 639 GACCTGTGCACTGGAACCTGAAGCTGATGCTTCTTGTGCTCAGTGAATGAGATGG 698
DB 541 GCTTACTGAGCTGGAACCTGAAGCTGATGCTTGTATTTCTTGTGAGCATGTTGAAGT 600
QY 699 TTGTATAGTGTGCAACCAAGTGAACCATCATCAAAATATCACTTATATTAAAGAA 758
DB 601 CTTTACAAGGCCCTCCAGATGATCTTAAGCTCAAAAGTTGATCCACATTTGTTAAAGAA 660
QY 759 AAGCATGCAAGAAATATCTTTTGGAGACAAATCTGTGTAGGTAAAGAGGATGACA 818
DB 661 AAACATCAAGATGAGATTAATCTGGGACAAATCAAGATTTAGGAGAGGGGGATATAC 720
QY 819 GCAAAAGTGAAGGCTGCTCTTGTGCTTCAAAATAGCCGCAACCTGTGTATTATACAG 878
DB 721 GCAAAAGTGAAGGCTGCTCTTGTGCTTCAAAATAGCCGCAACCTGTGTATTATACAG 780
QY 879 GGGTTTGAATTCGAGATCTTAAAGTCTTATGCGGAGAAAATTTGTTACTCTCTT 938
DB 781 GGGTTTGAATTCGAGATCTTAAAGTCTTATGAGGAGATCTTATGAGGAGGATCTT 840
QY 939 CACAAGATGCGAATTTTGGGAAATCATCTAAGAGTGTATGATCTGAGAGATGAGCTGT 998
DB 841 CATCAAGATGCTGTTTATGAGGCTTCCATGATCAAGATTTATGCTGATGATGAGCT 900
QY 999 GCGGCAAGATGTTTCAAGGATCTCAAGATTTGATCATGAGGAAACGAAAAAGATA 1058
DB 901 GCTGAGAGGAAAGTTCCAGAAAGCTTCAAGGCTTATCTTGGAGAGCAGGAAAAAATT 960
QY 1059 TTGCTAGATGTTGAGAGATCTTGGAGCAAAAGAGATTAATTAAGGCTGAGATGAA 1118
DB 961 CTGCTGATATGCGAGATGCTTGAAGCAAAATGTTACTACATCAAAAGCTGAGATGAG 1020
QY 1119 GCTGATGATGCGGCGCCAAAGTTGCTGATATGAGAAAGCTTTGTTGCTAGATGACT 1178
DB 1021 TTAGATGATGCTTGCACAAAGAGGCTGTTGAGAAAGTCAATGAGTGCCTGTTAGTT 1080
QY 1179 ATAAACCAAGAAATATGCAAGCTTGCACAAATCTATTTGCTACCTTGCACAAATATG 1238
DB 1081 ATGACACCTGGAAGATATGCAAGCTTGCACAAATCTATTTGCTACCTTGCACAAATATG 1140
QY 1239 GACCTATTAACCAAGATATCTTAAGAAAGCAGAGGTTGCTGATGATTAAGTTAGTGA 1298
DB 1141 GATCAATCGGCGCTGTTTAAAGAAACAGAGGAGGAGATGCTGTGCTTGAAGAG 1200
QY 1299 ACATCTTGCCTTAATGAGTGTCTTATTTGTTTGAAGTCCCACTGATGAGCTTGTGTT 1358
DB 1201 ACCTCATCAACATTAAGGAGTCTTGTATTTTGAATCCCACTGATGAGCTTGTGTTA 1260
QY 1359 CAGATTGATCTTTGCAATTCGAAGTGTATGCTTCTCTTAAGAGGTGAGAAAGAA 1418
DB 1261 CAGATAGCTTCACTTGCATCTGATAGTGAATGCTTCTTGTGAGAGGAGGAGAAAGAG 1320

PR 01-JUL-1999; 99US-0142154P.
 PR 02-JUL-1999; 99US-0142055P.
 PR 06-JUL-1999; 99US-0142390P.
 PR 08-JUL-1999; 99US-0142803P.
 PR 09-JUL-1999; 99US-0142920P.
 PR 12-JUL-1999; 99US-0142977P.
 PR 13-JUL-1999; 99US-0143542P.
 PR 14-JUL-1999; 99US-0143624P.
 PR 15-JUL-1999; 99US-0144005P.
 PR 16-JUL-1999; 99US-0144085P.
 PR 16-JUL-1999; 99US-0144086P.
 PR 19-JUL-1999; 99US-0144335P.
 PR 19-JUL-1999; 99US-0144331P.
 PR 19-JUL-1999; 99US-0144332P.
 PR 19-JUL-1999; 99US-0144333P.
 PR 19-JUL-1999; 99US-0144334P.
 PR 19-JUL-1999; 99US-0144335P.
 PR 20-JUL-1999; 99US-0144332P.
 PR 20-JUL-1999; 99US-0144632P.
 PR 20-JUL-1999; 99US-0144884P.
 PR 21-JUL-1999; 99US-0144814P.
 PR 21-JUL-1999; 99US-0145086P.
 PR 21-JUL-1999; 99US-0145088P.
 PR 22-JUL-1999; 99US-0145085P.
 PR 22-JUL-1999; 99US-0145087P.
 PR 22-JUL-1999; 99US-0145089P.
 PR 22-JUL-1999; 99US-0145182P.
 PR 23-JUL-1999; 99US-0145182P.
 PR 23-JUL-1999; 99US-0145218P.
 PR 23-JUL-1999; 99US-0145218P.
 PR 26-JUL-1999; 99US-0145224P.
 PR 26-JUL-1999; 99US-0145276P.
 PR 27-JUL-1999; 99US-0145913P.
 PR 27-JUL-1999; 99US-0145918P.
 PR 28-JUL-1999; 99US-0145918P.
 PR 28-JUL-1999; 99US-0145911P.
 PR 02-AUG-1999; 99US-0146386P.
 PR 02-AUG-1999; 99US-0146388P.
 PR 02-AUG-1999; 99US-0146389P.
 PR 03-AUG-1999; 99US-0147038P.
 PR 04-AUG-1999; 99US-0147204P.
 PR 04-AUG-1999; 99US-0147302P.
 PR 05-AUG-1999; 99US-0147192P.
 PR 05-AUG-1999; 99US-0147260P.
 PR 06-AUG-1999; 99US-0147303P.
 PR 06-AUG-1999; 99US-0147416P.
 PR 09-AUG-1999; 99US-0147493P.
 PR 09-AUG-1999; 99US-0147935P.
 PR 10-AUG-1999; 99US-0148171P.
 PR 11-AUG-1999; 99US-0148319P.
 PR 12-AUG-1999; 99US-0148341P.
 PR 13-AUG-1999; 99US-0148565P.
 PR 13-AUG-1999; 99US-0148684P.
 PR 16-AUG-1999; 99US-0149368P.
 PR 17-AUG-1999; 99US-0149175P.
 PR 18-AUG-1999; 99US-0149426P.
 PR 20-AUG-1999; 99US-0149722P.
 PR 20-AUG-1999; 99US-0149723P.
 PR 20-AUG-1999; 99US-0149829P.
 PR 23-AUG-1999; 99US-0149902P.
 PR 23-AUG-1999; 99US-0149902P.
 PR 25-AUG-1999; 99US-0150566P.
 PR 26-AUG-1999; 99US-0150884P.
 PR 27-AUG-1999; 99US-0151066P.
 PR 27-AUG-1999; 99US-0151066P.
 PR 27-AUG-1999; 99US-0151080P.
 PR 30-AUG-1999; 99US-0151103P.
 PR 31-AUG-1999; 99US-0151438P.
 PR 01-SEP-1999; 99US-0151930P.
 PR 07-SEP-1999; 99US-0152363P.
 PR 10-SEP-1999; 99US-0153070P.
 PR 13-SEP-1999; 99US-0153758P.
 PR 15-SEP-1999; 99US-0154018P.
 PR 16-SEP-1999; 99US-0154039P.

PR 20-SEP-1999; 99US-0154779P.
 PR 22-SEP-1999; 99US-0155139P.
 PR 23-SEP-1999; 99US-0155486P.
 PR 24-SEP-1999; 99US-0155659P.
 PR 28-SEP-1999; 99US-0156458P.
 PR 29-SEP-1999; 99US-0156596P.
 PR 04-OCT-1999; 99US-0157117P.
 PR 05-OCT-1999; 99US-0157753P.
 PR 06-OCT-1999; 99US-0157865P.
 PR 07-OCT-1999; 99US-0158029P.
 PR 08-OCT-1999; 99US-0158232P.
 PR 12-OCT-1999; 99US-0158369P.
 PR 13-OCT-1999; 99US-0159293P.
 PR 13-OCT-1999; 99US-0159294P.
 PR 13-OCT-1999; 99US-0159295P.
 PR 14-OCT-1999; 99US-0159329P.
 PR 14-OCT-1999; 99US-0159330P.
 PR 14-OCT-1999; 99US-0159331P.
 PR 14-OCT-1999; 99US-0159637P.
 PR 14-OCT-1999; 99US-0159638P.
 PR 18-OCT-1999; 99US-0159584P.
 PR 21-OCT-1999; 99US-0160741P.
 PR 21-OCT-1999; 99US-0160767P.
 PR 21-OCT-1999; 99US-0160768P.
 PR 21-OCT-1999; 99US-0160770P.
 PR 21-OCT-1999; 99US-0160814P.
 PR 21-OCT-1999; 99US-0160815P.
 PR 22-OCT-1999; 99US-0160980P.
 PR 22-OCT-1999; 99US-0160981P.
 PR 22-OCT-1999; 99US-0160989P.
 PR 25-OCT-1999; 99US-0161404P.
 PR 25-OCT-1999; 99US-0161405P.
 PR 25-OCT-1999; 99US-0161406P.
 PR 26-OCT-1999; 99US-0161358P.
 PR 26-OCT-1999; 99US-0161360P.
 PR 26-OCT-1999; 99US-0161361P.
 PR 28-OCT-1999; 99US-0161920P.
 PR 28-OCT-1999; 99US-0161992P.
 PR 28-OCT-1999; 99US-0161993P.
 PR 29-OCT-1999; 99US-0162142P.

Query Match 42.6%; Score 1085.6; DB 3; Length 2273;
 Best Local Similarity 69.1%; Pred. No. 2.6e-301;
 Matches 1484; Conservative 0; Mismatches 664; Indels 0; Gaps 0;

QY 99 ATGGCAGCGTCGACCCGCTCCGAGCTTGTGAGGACGTGAAGCCGCTCATCAAG 158
 DB 120 ATGGAGGAGTAGATCGTTCACGTCTTTGCCAGAGCGTCAACGATATCGTTAAG 179
 QY 159 GTGGGCACTGAGTGTCTCCAGCAAGATGGAGATTTGGCAGGCTTGAAGCT 218
 DB 180 GTGGAGAGCAGTGTCTTACTGGAAGAGTGAAGATTGGCTTGTGCTTTAGAGCA 239
 QY 219 CTGTGCGAGCAGGTAAAGAACTGAACTCTTTAGATACGAAGTATTTGGTCACTCA 278
 DB 240 CTGTGTAAACAGCTTGGGAGATTAACCTGGATGATTTGAGGATATTTGATCTCT 299
 QY 279 GGTGCTGTGAGTGGGGCGGACAGCACTTAAGTACCGGAAGCTTGCATTAAGAGTTT 338
 DB 300 GGTGCGTGTGCTTGTGAGGCAAGGCTTGTATGACAAATATGCAATAGCAAGCTTT 359
 QY 339 GCTGATCTGCAAAAGCCACAGATGAGTATAGATGAAGGCTTGTGCGCTGTTGTCAAG 398
 DB 360 GCGATCTTCAAGAGCCACAGCTGAATGATGAGAGGCTTGTGCTGTTGAGCA 419
 QY 399 AGTGACTGATGGCTCTTTAGATATGTGTTTAACTGATGCTGTCTGTATCTCA 458
 DB 420 AGCAGCTTATGCTTACTATGAGACTATGTTTACCAAGCTTGTATGAGCGGAGCTCA 479
 QY 459 CTCTGTGACCGCAGATTTTGAAGACCAAGTTCGGGAGCACTCACTGAAGT 518
 DB 480 CTCTGTGATGATGACAGATGATTTTGAAGCAAGATTTTCAAGAGCACTTAATGAAGT 539

XX (HITA) HITACHI LTD.
PA (BIO-) BIO-ORIENTED RES ADVANCEMENT.
PA (INDE-) INDEPENDENT ADMINISTRATIVE INST NAT INST.
PA (RIKE) RIKEN KK.

XX Yoshida Y, Shinzaki K;

XX WPI; 2003-203644/20.

XX P-PDB; AB009030.

XX New grass plant overexpressing a P5CS gene from rice, useful for making
PT transgenic plants with higher levels of proline accumulating ability, and
PT more improved salinity-tolerance, drought-tolerance and low temperature-
tolerance.

XX Claim 2; Page 29-36; 52pp; English.

XX The invention relates to a grass plant in which a delta¹-pyrroline-5-
CC carboxylate synthetase (P5CS) gene of rice, or a P5CS gene of Arabidopsis
CC thaliana and the antisense gene of a proline dehydrogenase (ProDH) gene
CC of Arabidopsis thaliana, have been introduced in tandemly connected
CC relation to each other. A new method of the present invention is useful
CC for the production of a transgenic rice plant with improved stress
CC tolerance, especially for water or salt stress and low temperatures. The
CC invention provides for transgenic plants with a higher level of proline
CC accumulating ability. The invention also relates to a grass plant
CC obtained by introducing a vector comprising a gene of the invention into
CC a calli or protoplast derived from a grass plant, growing the calli or
CC protoplast to obtain a colony and regenerating a plant body from the
CC calli or colony. This sequence represents DNA encoding the chole cress
CC P5CS polypeptide of the invention

XX Sequence 2571 BP; 698 A; 493 C; 638 G; 742 T; 0 U; 0 Other;

XX Query Match 42.6%; Score 1085.6; DB 7; Length 2571;

XX Best Local Similarity 69.1%; Pred. No. 2.8e-301;

XX Matches 1484; Conservative 0; Mismatches 664; Indels 0; Gaps 0;

QY 99 ATGCGAGGAGTGCACCCGCTCCGAGCTTCGTGAGGAGAGTGAACGCGTCATCATCAAG 158
DB 107 ATGAGAGAGCTGATGTTCACTGCTTTTGGCAGAGAGTCAACGATGCTGCTAG 166
QY 159 GTGCGAGCTGAGCTGCTTCACAGCAAGATGAGATGCTTGGCGAGGCTGAGCT 218
DB 167 GTTGGAGAGAGCTGTTACTGGAAGAGTGAAGATGCTGCTGCTTGGCTTGAAGACA 226
QY 219 CTGTGAGAGAGTGAAGAGTGAAGCTTGAAGTGAAGATGCTTGGCTGCTGCTCACTCA 278
DB 227 CTGTGAGAGAGCTTGGAGATTTAACTGAGATGCTTGGAGATGCTTGGATGCT 286
QY 279 GGTGCTGTGAGAGTGGGCGAGCAGCAGTGAAGTACCGAGCTTGTCAATGACGCTTT 338
DB 287 GGTGCGGTGTGCTTGGCAGGCAAGAGCTTGTGATGCAATGATGCAATGACGCTTT 346
QY 339 GGTGATCTGGAAGAGCAGAGAGTGAAGTGAAGAGCTTGGCGGCTGCTGCTGAG 398
DB 347 GCGGATCTTGAAGAGCTGAGTGAAGTGAAGAGCTTGGCTGCTGCTGCTGAG 406
QY 399 AGTGAAGTGAAGCTTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 458
DB 407 AGGAGCTTGAAGCTTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 466
QY 459 GTTGTGCTGACGAGCTGATTTTGAAGAACCAAGTTCGGGAGAGATCTCACTGAAT 518
DB 467 GTTGTGCTGATGACGAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 526
QY 519 GTTGAAGCTATTATGATCTTAAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 578
DB 527 GTCAAGCTATGCTGATTTGAGGCTTATTCGAAATTTCAATGAAGATGCTGATGAGC 586
QY 579 ACTGAAGAGCTCATATGAGATTCATCTGATATTTCTGGATTAATGACGTTTGA 638

DB 587 ACCGGAAGACCCCATATGAGATTCCTGATATTTCTGGAGTAAACAGTATGAGCT 646
QY 639 GAGCTGTGACATGGAAGCTGAAGCTGATGCTTATCTGCTGAGATGATGAGTGG 698
DB 647 GCTGTATGAGCTGAGAGCTGAAGCTGATGCTTATCTGCTGAGATGATGAGT 706
QY 699 TTGATATGAGCTGACCAAGTGAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 758
DB 707 CTTTACAGAGCCCTCAAGTATCTTAATCTCAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 766
QY 759 AAGCTATGAGAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 818
DB 767 AAGCTATGAGAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 826
QY 819 GCAAAAGTGAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 878
DB 827 GCAAAAGTGAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 886
QY 879 GGGTTGAAAGTGAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 938
DB 887 GGGTTGAAAGTGAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 946
QY 939 CACAAAGTGAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 998
DB 947 CACAAAGTGAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1006
QY 999 GCGCAAGAGTGAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1058
DB 1007 GCGCAAGAGTGAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1066
QY 1059 TTGCTATGAGTGAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1118
DB 1067 TTGCTATGAGTGAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1126
QY 1119 GCTGATGAGTGAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1178
DB 1127 TTGATATGAGTGAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1186
QY 1179 ATAAAGTGAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1238
DB 1187 ATAAAGTGAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1246
QY 1239 GACCTATGAGTGAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1298
DB 1247 GATCAATGAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1306
QY 1299 ACAATGAGTGAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1358
DB 1307 ACAATGAGTGAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1366
QY 1359 CAGATGAGTGAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1418
DB 1367 CAGATGAGTGAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1426
QY 1419 GCTATGAGTGAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1478
DB 1427 GCGCGAGTGAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1486
QY 1479 GGTGAAGTGAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1538
DB 1487 GGTGAAGTGAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1546
QY 1539 GATGATGAGTGAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1598
DB 1547 GATGATGAGTGAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1606
QY 1599 GCGTGAAGTGAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1658
DB 1607 AATATGAGTGAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1666
QY 1659 AATATGAGTGAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1718
DB 1667 AAGCTGAGTGAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1726

Query Match	Similarity	Score	DB	Length
Beat Local	79.8%	Pred. No. 1.2e-81	96	Indels 0, Gaps 0
Matches 379	Conservative	0	Mismatches	96
1256	ACTTAAAGACAGAGGTTGCTGATGATTTAGTCTTGAGAAACATCTTGCCATTAGG	1315		
2	ATTGAAAGACAGAGGTTGCTGATGATTTAGTCTTGAGAAACATCTTGCCATTAGG	1315		
1316	TGTTCTCTTATGTTTGGTCCGACCGTGGTCTTGAGATGATCTTGGC	1375		
62	TGTTCTCTTATGTTTGGTCCGACCGTGGTCTTGAGATGATCTTGGC	1375		
1256	ACTTAAAGACAGAGGTTGCTGATGATTTAGTCTTGAGAAACATCTTGCCATTAGG	1315		
2	ATTGAAAGACAGAGGTTGCTGATGATTTAGTCTTGAGAAACATCTTGCCATTAGG	1315		
1316	TGTTCTCTTATGTTTGGTCCGACCGTGGTCTTGAGATGATCTTGGC	1375		
62	TGTTCTCTTATGTTTGGTCCGACCGTGGTCTTGAGATGATCTTGGC	1375		

Db 549 TCACTTTGTATGGTGG 564

RESULT 13

ID AAC78003 standard; cDNA; 2507 BP.

AAC78003;

DT 08-FEB-2001 (first entry)

Human cancer associated gene sequence SEQ ID NO:397.

KW Human, cancer associated gene; cancer antigen; detection; cancer;
KW diagnosis; cytostatic; proliferative; vulnery; immunomodulator;
KW antidiabetic; antisthmatic; antineumatic; antiarthritic; antiviral;
KW antihistaminatory; antihyproid; antiallergic; antibacterial; cardiac;
KW demulcent; neuroprotective; thrombolytic; coagulant; nootropic;
KW vasotrophic; antipsoriatic; antiangiogenic; gene therapy; inflammation;
KW immune disorder; hematopoietic cell disorder; autoimmune disorder;
KW allergic reaction; graft versus host disease; organ rejection;
KW haemostatic; thrombolytic; cardiovascular disorder; infection;
KW neurological disease; drug screening; ss.

OS Homo sapiens.

PN WO200055350-A1.
yy

PD 21-SEP-2000.
XY

08-MAR-2000; 2000CWO-US0005882.

PR 12-MAR-1999; 99US-01242/0P.
XX

PA (HUMA-) HUMAN GENOME SCI INC.
XX
XX

PL ROSEN LA, RUBEN SM,
XX

DR WFL; 2000-38/333/33-
DR P-PSDB: AAB43794.

XX	Novel isolated m
PT	

[illegible][illegible]

AAAC760 to AAAC789 encode the human cancer associated proteins given in CC
AAAC790 to AAAC824. The proteins can have activities based on the CC
AAAC8398 to AAAC8449. The genes are expressed in. Example of activities CC
tissues and cells the genes are expressed in. Example of activities CC
include: cytotoxic; proliferative; vlnery; immunomodulator; CC
antidiabetic; antishmatic; antihemetic; antiarterial; CC
antiinflammatory; antithyroid; antiallergic; antibacterial; antiviral; CC
dematological; neuroprotective; cardiac; thrombolytic; coagulant; CC
neotrophic; vasotropic; antiporiatic and antiangiogenic. The CC
polynucleotides and polypeptides can be used for preventing, treating or CC
polymerizing medical conditions and diagnosing pathological conditions. CC
polynucleotides, polypeptides, antibodies, agonists and antagonists from CC
the present invention may be used to treat immune disorders by activating CC
or inhibiting the proliferation, differentiation or mobilization of CC
immune cells, to treat disorders of hematopoietic cells, autoimmune CC
disorders, allergic reactions, graft versus host disease and organ CC
rejection, modulate haemostatic or thrombolytic activity, modulate CC
inflammation, cancers, cardiovascular disorders, neurological disease and CC
bacterial or viral infections. The peptides, nucleotides, antibodies, CC
agonists and antagonists may be also be used in drug screens. AAC7849 to CC
AAC7847 and AAAC4240 represent sequences used in the exemplification of CC
the present invention

SQ Sequence 2507 BP; 667 A; 566 C; 621 G; 645 T; 0 U; 8 Other;

Query Match	10.9%	Score 278.2;	DB 3;	Length 2507;
Best Local Similarity	51.6%;	Pred. No. 8.9e-69;		
Matches 813; Conservative	1;	Mismatches 739;	Indels 22;	Gaps 7

QY	636	GCAGGACGTGTGGCACTGGAAACGAAAGCTGATCTCCTTATTTCTGCTCAGTATGTGGAT	695
Db	2	GCTGCCGCACTGGCTGTGGAAATGAAATCGATCTCTGATATGTTCTTTCAAGTATGAA	61
QY	696	GGGTGTATATAGTGTCCACAGTGAACCATCATCAAAATCATACACTTATATTTAA	755
Db	62	GGCCTTTTATACAGCCCCCCAGGTTCCAGATGACAAAGCTTTATGTAATATTTATCCC	121
QY	756	GAATAGCATGACGAAGAAATCATTTTGGAGACAAAATCTCGTATAGGTAAAGAGCATG	815
Db	122	GGAGATACGACATCTG---TGACATTTGGAAACCAAGCTTAGAGTAKGSAATGGGGGCGATG	178
QY	816	ACAGCAAAAGTGAAGGCTGCTGTCTTGGCTTCAATATGCGGCACACTGTGTATTTACA	875
Db	179	GAAGCCAAAGGTGAAGAGAGCCCTCTGGGCTTTGCAAGGTGGACCTTCTGTGTATTTGCC	238
QY	876	AGTGGTTTGGAAAATCGAGACATCTTAAAGTCTTCATGAGGAAAAAATTTGTACTCTC	935
Db	239	AATGAAACCCACCAAGAGTGTCTCGGCACTGTCATACACATTTGAGGGGGAAGAAA	298
QY	936	TTTCACAGAAATGCGAATTTGTGGAAATCATCTTAAGATTTTAGTACTCGTAGATGGCT	995
Db	299	GTT---GATACCTTCTTTTCAAGATGAAGCTGACAGCCCTTACTGTTGACAGCGAGGA	355
QY	996	GTTCCGCGAAGATTTGTTCAAGGCATCTACAGATTTGTCAATCAGAGCAAGAAAAAG	1055
Db	356	GAATGTGCGCATTTGGAGGAAGATTTGGCCACTTGAAACCTGAGCAGAGGCGAA	415
QY	1056	ATATTGCTAGATGTTGCATGCTTTGGAGGCAAATAGATTTTAATAGTCTGAGAAT	1115
Db	416	ATTATTCATCATCTCGGCTGATCTGTGTACGACCAACGAGGTATGAGATCTGTAGCCAC	475
QY	1116	GAACGTATGATAGTGTGCGCCCAAGTGTCTGATATAGAAAGCCTTGTGTGATATTTG	1175
Db	476	AAAAAAGACTTGGAGAGAGC---AGAGGGAGACTTGCACACTCCTGCTGAACGTTTA	532
QY	1176	ACTATTAACCCAGAAAGATAGCAAGCCTTGCAAATCTATTTG---TACCCTTGCAAT	1232
Db	533	AGCCTTCCACATCCAAATTTGACAGCCTGGCCATCGATCTGACACAGATGCGAGCCTCC	592
QY	1233	ATGAGAGCCCTATTAACACAGATCTCTTAAAAAGACAGAGTGTGTGATTTAGTTCTT	1292
Db	593	TCCACGACGACGGTGGACGATTTTGTGGCCGACCCGAATGCGCAAAACTTGGAATCG	652
QY	1293	GAGAAAACATTTGCCCATTAGTGTGTCTCTTAATTTGTTTAGTCCGACCTGATGCC	1352
Db	653	GAACAGTGAATCTGCCAATTTGAGTCTGTGTGATCTTTGATATCTCGTCCGACTGT	712
QY	1353	TTGGTTGATGTGATCTTTGGCAATTGAAAGTGTATGTGCTTCTCTAAAAAGTGA	1412
Db	713	CTACCCCAAGTGGGAGCTTTGGCTATGGAAGTGGCAATGGCTTTGTAACMAAGGAGGG	772
QY	1413	AAAGAGGTATCAGATCAACACAGATATGTGATATAGTTATACATGATGCAATCTTCGT	1472
Db	773	AAGAGGCTGACACAGCACCGGATTTCCACCTCGTACCCAGAGGCGCTCTCATATC	832
QY	1473	AATGTGTGTAAAAAATTAATGGCTTGTTCACATAGAGATGAGATCGCAGATTTGTCTA	1532
Db	833	CATGAGTCAGAGAGGCGCGTGCACATGTGTAAATCCAGAGAAAGATTGAAGATCTTTGC	892
QY	1533	AACTTATGATGTCATGATTTGTCTCACTCCAAAGAGAAATTAATAGCTTGTCTCA	1592
Db	893	CGCTTAGCAAAAATGATGATCTATCTTCAAGTGTCTTCTCCAGCTGTGTAGAGAC	952
QY	1593	ATCAAGGCGTCAACTAA---GATTCCTGTTCTTGGGCACTGTGATGTGATATG---CCACGT	1648
Db	953	ATCCGAAAGCTGCTAAGGGGATTCAGATGATGGGGCACACGAAAGGATCTGTGCAT	1012
QY	1649	ATATATTCACAAATACGTGACATGCAATATGCAAAATCTTATTTAAATGATGCAAAAC	1708
Db	1013	GTATGTGATTTCCAGGCGCACTGTTGATATAGGTCCACAGGCTATGACAGCTTAAATG	1072

1203 CT---TSCAAATCTATTCTGACCTTGAACATATGAGAACCTTAAACAGATATCT 1259
 Db CTCCTCCCTGGCCCGGAAGCAATCCGAGAGACATGACAAAGATGTGGTCTGCTCG 1449
 Qy 1260 AAAAAGACAGAGTGTCTGATGATTTAGTTCTTGAGAAAACATCTGGCATTAGTGT 1319
 Db 1450 AGACGACACCGCCCTTGGGATCAGCTGAGCTCAAGAGAGGTCACTGTGCCATAGGCGTC 1509
 Qy 1320 CTCTTAATGTTTGTGATCCCGACCTGATGCCCTGGTGTGATGATGATCTTTGGCAATT 1379
 Db 1510 CTACTGTGATCTTCTGATCTCCGACCTGATCTGCTGCTGATGATGATGATGATGATG 1569
 Qy 1380 CGAAGTGTATGATCTTCTCTTAAAGTGAAGAAAGATCTATGATCAACAGATTA 1439
 Db 1570 GCTCGGCAACGAGATGCTCTCTCAAGGGGGGCAAGAGCGGCAACAGCAACAGGCC 1629
 Qy 1440 TTGATAGATTAATGATGATGATCTCTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1499
 Db 1630 CTATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1689
 Qy 1500 GTTACAACTAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1559
 Db 1690 GTTTCACGCGCGGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1749
 Qy 1560 ACTCCAAAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1616
 Db 1750 ATTCGCGCGCGCT 1809
 Qy 1617 GTTCTTGGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1676
 Db 1810 GTGCTGGGCAACGCGAGAGGTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT 1869
 Qy 1677 ATGCGAAAATTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1736
 Db 1870 AAGCCCTGCGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1829
 Qy 1737 GAGACCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1796
 Db 1930 GAGACCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1989
 Qy 1797 GCACTAAAACAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1856
 Db 1990 ATGCTGAACGATGAGGGGCTCAAAATCTATGCGGACCGGCTGAACAGAGCTGACA 2049
 Qy 1857 TTT-----CGAAAGCTGTTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCT 1910
 Db 2050 TTTGCG 2109
 Qy 1911 GAGTTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1970
 Db 2110 GAGGTTGGCCAGCGCTGAGAGAGGCGCATTAATCATATCATATCATATCATATCATATCAT 2169
 Qy 1971 ACAATTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2030
 Db 2170 ACGGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2229
 Qy 2031 AGTGTGCTGATTTCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2090
 Db 2230 AGCGCTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2289
 Qy 2091 GGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2150
 Db 2290 GGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2349
 Qy 2151 GGTCTCTTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2193
 Db 2350 GGGCTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2392

RESULT 15
 ABA90521_16/c
 Continuation (17 of 24) of ABA90521 from base 1600001 (Genomic sequence of Lactococcus)

WP Sequence split into 24 fragments LOCUS ABA90521 Accession ABA90521
 WP Fragment Name Begin End
 WP ABA90521_00 1 110000
 WP ABA90521_01 100001 210000
 WP ABA90521_02 200001 310000
 WP ABA90521_03 300001 410000
 WP ABA90521_04 400001 510000
 WP ABA90521_05 500001 610000
 WP ABA90521_06 600001 710000
 WP ABA90521_07 700001 810000
 WP ABA90521_08 800001 910000
 WP ABA90521_09 900001 1010000
 WP ABA90521_10 1000001 1110000
 WP ABA90521_11 1100001 1210000
 WP ABA90521_12 1200001 1310000
 WP ABA90521_13 1300001 1410000
 WP ABA90521_14 1400001 1510000
 WP ABA90521_15 1500001 1610000
 WP ABA90521_16 1600001 1710000
 WP ABA90521_17 1700001 1810000
 WP ABA90521_18 1800001 1910000
 WP ABA90521_19 1900001 2010000
 WP ABA90521_20 2000001 2110000
 WP ABA90521_21 2100001 2210000
 WP ABA90521_22 2200001 2310000
 WP ABA90521_23 2300001 2355589
 Query Match 9.6%; Score 245.4; DB 6; Length 110000;
 Best Local Similarity 48.4%; Pred. No. 2.3e-58;
 Matches 892; Conservative 0; Mismatches 911; Indels 40; Gaps 6;
 Qy 376 AGCTTGTGCGCGCTGT 435
 Db 5245 AGCTTGTGCTTCAATCGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 5292
 Qy 436 AACTGATGTCTGCTATCTCACTCTTGTGACCGAGATGATTTGACAACTGAT 495
 Db 52391 GTTATTCGCAAAAAGTTTCTAGTTTCTTGAACGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 52332
 Qy 496 TCCGGAGCACTCACTGAACTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 555
 Db 52331 GTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 52272
 Qy 556 TTAATGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 615
 Db 52271 TTAATGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 52221
 Qy 616 TCTGGATTAAGCACTTTAGAGAGCTGTGACAGCTGAACTGAACTGATCTCTTA 675
 Db 52220 TTGTGATTAATGATTAATTTGGAGGATGTTTCTAAATTTAGTATGATGATGATGATGAT 52161
 Qy 676 TTCTGCTAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 735
 Db 52160 TTATGCTGCATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 52101
 Qy 736 TCAATACACTTAATTTAAAGAAAGCATGACAA-----GAATCACTTTTGAAGCA 789
 Db 52100 AAATTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 52041
 Qy 790 AATCTGCTAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 849
 Db 52040 GTTCCGTTTGGAACTGCGGAGATGATCTTAATTTGGCGCTGACAGATTTATTTG 51981
 Qy 850 ATAGCGGACACCTGTGTTATTAAGAGGTTGAAATTTGAGAGCATCTTAAAGTTT 909
 Db 51980 AAATATGTCMAAAATGTTCTGACCAATGGGAAAGGATTCGAGAGTTAAAGAAATTA 51921
 Qy 910 TTATGAGGAGAAATTTGTTACTCTTTTCAAGATGCAATTTTGGGATCATCTA 969
 Db 51920 TCGAGAGAGTGAATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 51863
 Qy 970 AGATGTTAGTACTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1029

Db 51862 AGCATGATTTGAAGACTTGATTTAAAGTTAAAAAGCGAGCAAGAG-----TAGCA 51808
Qy 1030 ATTTGTCATCAGAGCAAGAAAAAGATTTGCTGATGTCGACATGCTTTGGAGCA 1085
Db 51807 AGCTATCACTGCCGCAAAAAAGTTTTTTTGCMAATTTAGCTGACAGCCTTATCGAAA 51748
Qy 1090 ATGAGATTTAATAGAGTCTGAGATGAGAGTATGATGCTGCGGCCCAAGTTGCTGAT 1149
Db 51747 ATACTGACAGATTTATTTCTGAGATGAAAAAGATTTGGCTTACGCTCGAGACATGGA 51668
Qy 1150 ATGAGAGCCTTTGTTGCTAGATGATCTATTAACAGAAAAGATGACAGCCTTGCA 1209
Db 51687 TTTCTGAGATTTAGATGACCGCTTCCGTCTAATCCGCAAGAAATTTCTGATATGCA 51628
Qy 1210 AATCTTTGCTACCTTGCAAAATAGAGAGACCTTAAACAGATTTAAAGAGAG 1269
Db 51627 CAGGATGAGACAGTTGCAAACTTCTGACCAATTAAGCAAGTATTCAGAGTTTCA 51568
Qy 1270 AGGTGCTGATGATTTAGTCTTGAGAAAAATCTTCCCATTAAGTGTCTCTTAATG 1329
Db 51567 CTATCTGATGACTTAAGATTTTGCAAAAAAGATGCACTTGCACTTTGGAATGA 51508
Qy 1330 TTTTGAATCCGACCTGATGCTTGGTTCAATTCATCTTTGGCAATTCGAAGTGTGA 1389
Db 51507 TTTTGAAGTCTGCAAAATGATGATGATGCTTTTCTCTTGTGTTAAACAGGA 51448
Qy 1390 ATGCTCTTCTCTAAAGGTGAAAAGAGCTATCAGATCAACAGATATTGCAATAAG 1449
Db 51447 ATCTGTTTTTTGATCGCGGTGGGTCTGACGCAATTTATCTAATATGTTTTAGTTGAA 51388
Qy 1450 TTATTAATGATGCTATC-----CTCGTATGTTGGTGAATACTTATGGCTTG 1500
Db 51387 TTATTAAGAAAAATTTGCTGTCAGCAAAAAATTTACTGACGAGAGTGAATTTATCTG 51328
Qy 1501 TTACACTGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1560
Db 51327 ACACAGTCAATGCTGAGAGCAAAAAATGAGCAAGATTAATTTTAGATGTTTTGA 51268
Qy 1561 CTCGAGAGGAGATTAATTAAGCTTGTCTCTCAATCAAGGCTCACTMAAGTTCTCTGTC 1620
Db 51267 TTCGAGAGGATGAGGCGCATTTATTAACGCTGCAAAAGAAAAAGCAAGTTCTCTGTC 51208
Qy 1621 TTGGGCACTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1680
Db 51207 TTGAACTGGGGTGGGATTTGATCAATTTTGTATGATGATGATGATGATGATGATG 51148
Qy 1681 CAAAACTTATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1740
Db 51147 CGACAAAAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 51088
Qy 1741 CTTTACTAGTTCAATAGATCTTATGAGAGTCCAGGCTTGACGATTTAGTAGAC 1800
Db 51087 GTTTAGTGTTCACGCAAAATTTGCTGACGATTTTAAACCAAGTTGGAATGAAATCA 51028
Qy 1801 TAAAAACAGAGAGATTAATTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1860
Db 51027 ATTAAGTTCATGAAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 50968
Qy 1861 CAAAACTGTTCAATTCAT-----GAGTATAGTTCTATGCTGCACTGTG 1911
Db 50967 GAATTCCTGCAACTGAGATGATTTTGGACAGAAATTTTAAATTTCTGCTAGTAA 50908
Qy 1912 AGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1971
Db 50907 AAACGTTGATTTTGAATGAGCAATTTAGCACTTAACTTATTCAGTGTGCTATT 50848
Qy 1972 CAGATTTATCTGATCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2031
Db 50847 CAGAAAGATTTGATCAATGATTTATTCATGAGCAAAATTTCAAGATGAAATTTGATG 50788
Qy 2032 GTGCTGCTGATTTCAATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2091
Db 50787 CGGAGCGGTTATGCTACATGCTTACAGATTTTACTGACGGTTTTGATTTGGCTTAG 50728

Qy 2092 GTGCTGAGTTGGATTAAGACAGAGGCGTATCCATGCCCCGTGAGCAGTGGGTGTAAG 2151
Db 50727 GTGCTGAAATTTGGCATTTCAATCTCAAAACTTCAATGCTGAGAGGCCAATGGCTTAGAGG 50668
Qy 2152 GTCTCTTAATCAACAGATGATCTTGGAGAGCGTGGCAAGT 2194
Db 50667 CTCTAACCTCAACAAATATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 50625

Search completed: March 10, 2004, 11:20:21
Job time : 890.685 secs

Db 2074 TGGCGTGTGTTTCATTAAGCAGCAAGGTTCTGTGACGGAGCCGCTTTGGGCTAGG 2133

Qy 2093 TGTGAGGTTGGCATTAAGCAAGGCGGTATTCATGCGCGGTGAGCAGTGGGTGAAAG 2152

Db 2134 TGCAGAGGTTGGCATTAAGCAAGGCGGTATTCATGCGCGGTGAGCAGTGGGTGAAAG 2193

Qy 2153 TGTCTTAAGTACAGTAAAGTCTTGGAGAGCGTGGCAAGTGGTGAATGGTGAAGAAGA 2212

Db 2194 ACTTCTTAAGTACAGTAAAGTCTTGGAGAGCGTGGCAAGTGGTGAATGGTGAAGAAGA 2253

Qy 2213 TGTGATGATACCCATTAAGTCTTGTGCAATGAGTCAATGCTCTTTT 2266

Db 2254 AGTGGTTTACACCAAGAGATCTTCTTGGCAATGAGCAAAAGACCTCTGT 2307

RESULT 2

AY109740 1961 bp mRNA linear HTC 17-OCT-2002

LOCUS Zea mays CL2942_1 mRNA sequence.

DEFINITION Zea mays CL2942_1 mRNA sequence.

ACCESSION AY109740

VERSION AY109740.1 GI:21213575

KEYWORDS HTC.

SOURCE Zea mays

ORGANISM Zea mays

REFERENCE Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Poales; Poaceae; PACAD clade; Panicoideae; Andropogoneae; Zea.

1 (bases 1 to 1961)

1 Hainey, C.F., Delan, M., Miao, G.H., Vogel, J.M., Whiteitt, M.S., Arthur, L.W., Hanaley, M., Morgan, M. and Tingey, S.V.

Maize Mapping Project/Dupont Consensus Sequences for Design of Overgo Probes

Unpublished (2002)

2 (bases 1 to 1961)

Coe, E.H.

JOURNAL Direct Submission

REFERENCE Submitted (25-APR-2002) Maize Mapping Project, University of Missouri, Columbia, MO 65211, USA

COMMENT If you are interested in getting corresponding physical clones, these are publicly available from ZMD, www.zmd.iaestate.edu; TIGR, www.tigr.org; or NCBI, www.ncbi.nlm.nih.gov. When the source of the maize cDNA sequences is either Virginia Walbot, Stanford or Pat Schabale, Iowa State, then clones may be requested from ZMD: www.zmd.iaestate.edu.

FEATURES

source

1. 1961

Location/Qualifiers

/organism="Zea mays"

/mol_type="mRNA"

/db_xref="MaizeDB:631239"

/db_xref="taxon:4577"

/clone_lib="Maize Mapping Project/Dupont Consensus Library"

/note="this sequence is part of a project of EST assemblies resulting from the application of public contigs to seed Dupont as part of a collaboration for the overgo addressing of BACs in conjunction with the Maize Mapping Project"

ORIGIN

Query Match 45.6%; Score 1162; DB 11; Length 1961;

Best Local Similarity 81.5%; Pred. No. 5.1e-250;

Matches 1309; Conservative 0; Mismatches 297; Indels 0; Gaps 0;

Qy 647 GGCACTGGAAGTAAAGCTGATCTCTTATTCCTCAAGTATGATGGTGGTATAG 706

Db 2 GGCAAGGAGGACTTAAGCAGATCTCTGCTCTAAGAGATGATGCTCTATACG 61

Qy 707 TGTTCACCAAGAGCAATCAATCAAAATCAATACATTAATTAAGAAAGATCA 766

Db 62 CGGTCCACCAAGCAACCGGATCAAAAGATCAATCAATCAATCAAAAGATTA 121

Qy 767 GCAGAAATATCATTTTGGAGACAAATCTGTTAGTGAAGAGCATGACAGCAAAAGT 826

Db 122 CAGTGAATATCATTTTGGAGATAGTCACTGTAGTGAAGAGCAATGACACTAAAGT 181

Qy 827 GAAGGCTGCTGCTTGGCTTCAATTAAGCAGACACCTGTGGTATTATTAAGTGGGTTGA 886

Db 182 GAAGGCTGCTTGTGGCTTCAATTAAGCAGACACCTGTGGTATTATTAAGTGGGTTGA 241

Qy 887 AAATGGAGCATCTTAAGTCTTCAATGGGAAAAAATTTGTAATCTCTTCAAGAA 946

Db 242 ATCTCAAGATGATTTAGATCTCCAAAGAGAAATTTGTAATCTCTTCAATGAAGA 301

Qy 947 TGGCAATTTGGGGAATCATCTAAGATTTAGTACCTCGAGATGGCTGTCCGCAAG 1006

Db 302 TGCAGATCTGGAGAGCATCAAGATTTAGTACCTCGAGATGGCTGTCCGCAAG 361

Qy 1007 AGATTGTTCAAGGATCTAAGAAATTTGATCAAGAGAAAGAAAAAGATTTGCTAGA 1066

Db 362 AGAATGTTCAAGGCTGTGAGAAATTTATCATGAGATGAACGAAAGAAATTTGTTAGA 421

Qy 1067 TGTTCAGATCTTTGGAGCAATGAGATTTAATTAAGTCTGAAGATGAAGCTGATGT 1126

Db 422 CATTGAGATGCTTTGGAACAAATGAGATCTAATTAAGATCTNNNNNNNNNNNNNNNN 481

Qy 1127 AGTGCAGCCCAAGTCTGATATGAGAGCCCTTGTGTGATGATGATGATGATGATGAT 1186

Db 482 NNN 541

Qy 1187 AGGAAATATGCAAGCTTGCAGAAATTTATCTGATCTTGCAGAAATTTGAGAGAGCCAT 1246

Db 542 AGAAATATGCAAGCTTGCAGAAATTTATCTGATCTTGCAGAAATTTGAGAGAGCCAT 601

Qy 1247 AAACAGATCTTAAAGACAGAGGTTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1306

Db 602 CAACCAATCTCTCAAGAAAGACAGAGGTTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 661

Qy 1307 CCATTAAGTGTCTCTTAATTTGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1366

Db 662 CCCTCTGAGTGTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 721

Qy 1367 ATCTTGGCAATGCAAGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1426

Db 722 GTCTTGGCAATGCAAGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 781

Qy 1427 ATCAACAGATATTTGATTAAGTATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1486

Db 782 ATCAACAGATATTTGATTAAGTATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 841

Qy 1487 ACTTATGCTGCTTGTCACTAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1546

Db 842 NCTTATGCTGCTTGTCACTAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 901

Qy 1547 CATTGATCTTGTCACTAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1606

Db 902 CATTGATCTTGTCACTAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 961

Qy 1607 TAAGATCTTGTCTTGGCATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1666

Db 962 TAAGATCTTGTCTTGGCATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1021

Qy 1667 TGACATGATATGCAAGAACTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1726

Db 1022 TGACATGATATGCAAGAACTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1081

Qy 1727 CAATGATGAGACCTTACTAGTCAATTAAGATCTTATGAAGATGATGATGATGATGATGAT 1786

Db 1082 CAATGATGAGACCTTACTAGTCAATTAAGATCTTATGAAGATGATGATGATGATGATGAT 1141

Qy 1787 CATATTAAGTGAATTAAGACAGAGGATTAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1846

Db 1142 TATCTCTATCACTCAAAACAGAGGATTTGATTAATGAGAGGCTGTGATGATGATGAT 1201

QY	184	AGCTCGGGATTTCCAAAAGCTGTTCAATTCATCAAGAGTAATAGTTATATGGCCGAC	1908
Db	1202	AGTACTGTGATTTCCGAAGACGATTCATTCCATCAAGAAATATAGCTCTATGGCCGAC	1261
QY	1907	TGTTGAGTTTGTGATGATGTTCAATCAGCAATTGACCAATATTCATCGTTATGGAATGC	1966
Db	1262	AATTGAGTTTCGTTGATGATGTACAGTCAGCAATTACATATACATCGTTATGGAAGTGC	1321
QY	1967	TCTTACAGATGTGATTCGCACTACAGAGATGAATAGGTAGCAGACATTTTCTACAGAGGT	2022
Db	1322	ACATACAGATTCATTATTCACACAGAGATGAATGAATGACGAAACTTTCTCTGGCGAGT	1381
QY	2027	TGATAGTGCCTGCTGATTTCAATATGCAAGTACAGATTTCTGATAGGGGCTCGTTTGG	2086
Db	1382	TGATAGTGCCTGCTGATTTCAATATGCAAGTACAGATTTCTGATAGGGGCTCGTTTGG	1441
QY	2087	ATTGGGTGCTGAGGTTGCGATMAGCACAGGGCGTATCCATGACCCGTGACCAATGGGTGT	2146
Db	1442	ATTGGGTGCGAGGTTGCGATMAGCACAGGGCGTATCCATGACCCGTGCGAGGCTGTGGGTGT	1501
QY	2147	TGAAGGTCCTTAACTAACACATGGAATCTTGGCAGACGTGGGCAATGTGTGAATCGTGA	2206
Db	1502	TGAAGGTCCTTAAACAACGCTGGATATTCGAGGAAGTGGGCAAGTGTGTGAATTGTGA	1561
QY	2207	CAAGAGTGTGATACACCATPAAAGATCTTCCTTGCATAGAGT 2252	
Db	1562	CAAGAGTGTGATACACCATPAAAGATCTTCCTTGCATAGAGT 1607	

RESULT 3			
AY105865			
LOCUS	AY105865	1685 bp	linear
DEFINITION	Zea mays PCC085448 mRNA sequence.		

KEYWORDS	HTC.
SOURCE	Zea mays
ORGANISM	Zea mays

REFERENCE
1 (bases 1 to 1685)
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Poales; Poaceae; PACAD
clade; Panicoideae; Andropogoneae; Zea.

TITLE	AUTHORS
Maize Mapping Project/DuPont Consensus Sequences for Design of	Hainey,C.F., Dolan,M., Miao,G.H., Vogel,J.M., Whitesitt,M.S., Arthur,L.W., Hanafey,M., Morgante,M. and Tingey,S.V.

Overgo Probes
Unpublished (2002)
2 (bases 1 to 1685)
Coe, E. H.

TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (25-APR-2002) Maize Mapping Project, University of Missouri, Columbia, MO 65211, USA
COMMENT if you are interested in getting corresponding physical clones,

these are publicly available from ZmDB and may be found by BLAST searching at MSL, maizeMap.org, ZmDB, www.zmdb.iasatse.edu, TIGR, www.tigr.org, or NCBI, www.ncbi.nlm.nih.gov. When the source of the maize cDNA sequences is either Virginia Walbot, Stanford or Pat Schumaker, Iowa State, then clones may be requested from ZmDB: www.zmdb.iasatse.edu.

FEATURES	www.zinco.iaa.se
source	location/Qualifiers
	1. .1685

```

/organism="Zea mays"
/mol_type="mRNA"
/db_xref="MaizeDB:634799"
/db_xref="taxon:4577"
/clone_lib="Maize Mapping Project/DuPont Cornsensus
Library"

```

As a result of the above, the following assemblies resulting from the application of public configs to seed DuPont configs: this resource was assembled by DuPont as part of a collaboration for the overgo addressing of BACs in conjunction with the Maize Mapping Project"

ORIGIN

Query Match	35.0%	Score 891.6;	DB 11;	Length 1685;
Best Local Similarity	77.5%	Pred. No. 7.8e-220;		
Matches 1080; Conservative	0;	Mismatches 314;	Indels 0;	Gaps 0;

906 GTTCTTCATGGGAAAAATTGTA

Db 11 GTTCTCAAGCGAAGAAGATCGGTACATTTCACACAGAACCAATTTGGGGCAGT 70

Db 71 TCCAGAGACTACAGCCCGAGATGGCAAGTGGCGCAGAGACGTGTCGAGCGCTCA 130

QY 1026 CAGATTTCATCAGAGACGAAAAAGATTTGCTAGTGTTCAGATCCTTTGGAG 1085

Db 131 CAGAAGTGTGATCAGAGGAACCAACAGATTTTGGTAAATATTCGTGATGCTGTGAA 190

Db 191 GCAATGAGGATGCAATTATGTGTGAAATGATGCCGATGTTGAGCGCAGCAAGTTGCT 250

QY 1146 GGATATGAGACCTTTCGTGCTAGATTGACTATAAACGAGAAGATAGCAAGCTT 1205

Db 251 GGTATGAAAGTCGTTGCTGTAGATGACCCCTAAAGCAGAAAGATAACAATCTT 310

Db 311 GCAAGTCCATTGTAATACTGTCGACATGGAGAGCCCTATTTCCCATACATTGAAAGA 370

1266 ACAGAGTTCGTGATGATTACTTCTTGAGAAACATCTGCCATTAGTGTTCCTTA 1325

Db 371 ACAGAGTTGCTAAGATCTGGTTTTAGGAAGCATATTGCCCATTTGGGTGTCTTCTC 430

431 ATTATTTTGAAGCTCCGCTCTGATGCATGGTCCAGATTGCATCTTAGCGATCCGAAGT 490

1386 GGTATGCTCTTCTCTAAAGGCGAAGAAGCTATCAGATCAACACGATATTGCAT 1445

Db 491 GGTAAAGTCTCTTTTGAAGAAGGGAAGAAGTATGAGATCAATGCAATTATTAAC 550

Db 551 AAGGTCAATACGCGATTATCCGATACTGTTGCAAAAAAGCTCATAGGCCCTTGACT 610

1506 ACTAGAGTGGATCGCAGATTGCTAAGCTTGATGATGATCATTCCTTCACTCCA. 1566

Db 611 AGCAAGAGGAATTCCTGATCTACTAGGCTTGATGATGTAATTGATCTTCATTCG 670

Db 671 AGAGGTAGTAGTCTCTAGTTTCCCAATCAAGCACAACCTAAGATTCAGTTTAGT 730

QY 1626 CATGCTGATGGATATAGCCACGATATATTGACAAATCAGCTGCATCGATATATGGCAAAA 168

Db	731	CATGCGATGGTATCTGCCATGTTTACATGACAAATCAGCCGACATGGATTAAGGCAAAA	790
Cv	1686	CTTATTGTAATGATGCAAAAACTGATTAACCCAGAGCCTCGCATGCAATGGAACCTTA	1744

Db 791 CGGATGATATGGATGCTAGATGATTCCAGACGACATGTAATGCATGGAACACTA 850

1746 CTAGTCATAAGCATCTTATGAAGTCCAGCCCTTGACGACATATTAGTAGCACTAAA 1801

Db 851 CTGTTCATAAAGATCTTAAACAAGAGTGAGGACCTGATGATCTATTAAGTGAACCTGAA 910

Db 911 AAGGAAGAGTGTATTATGATGACCTGTGCATGCAAGTTGAAGTACCAAG 970

1866 GCTGTTTCATTTCATCATGATAGTATAGTTCTTAGGCCGTGCACGTGTGATTTGTGATGAT 1922

Db 971 GTAGACTCATTTTGGTCAATGAGTAAAGCTCAATGGCATTGACATGACACAGTCGAAATTGGTGAATGAT 103

Qy	1926	GTTCATATGACGAATTGACCAATTTCAATGTTATGGAATGCTCATACGATTTGATGCTC	1985
Db	1091	GTCGAGTAGCTATCGATTCGATCACTAAATGCTTATGGAATGACACACAGATCGCATATC	1090
Qy	1986	ACTACAGATGATTAAGTAGCAGAGACTTTCTACGCGAGATTGATAGTGTCTGTATTT	2045
Db	1091	ACAACGTGATGAAGTGCTGACAGAGCCCTTTCTGACGACAAATTGATAGTACCGCTGTGTTT	1150
Qy	2046	CATATGGAATGACGAGATCTCTGATGGGGCTGTTTGATATGGGCGCTGAGTGGC	2105
Db	1151	CATATGTCAGACACAGGATTTTGATGAGGACGCGTTTGACTAGTGCTGAGGTGGC	1210
Qy	2106	ATAAGCAGGAGCGATCATCGCCCGTGACAGTGGGTGTGGAAGTCTCTTAATACA	2165
Db	1211	ATAAGTACAGAGCGGATCATGCCCCGGAACCTGTGGAATGTGATGACCTTCTAACHCT	1270
Qy	2166	CGATGGAATCTTTCGAGAGCGTGGGCAATGCTGAATGGTGAACAAGATGTGCTGACCC	2225
Db	1271	CGCTGCATTTTGGCGGGTAGTGGAACAATGGTGAATGGTGAACAAGGAGTGGTTTACCC	1330
Qy	2226	CATAAGAGTCTTTCCTTTGCAATGAGGTCAAAATGCTCCTTTTAACTGTTCAGAGTAGGT	2285
Db	1331	CACAAAGATCTTCTCTTTGCAATGAGGCCAAATACTCGCTGTGGTGTGTAACGATGGCT	1390
Qy	2286	GAATATCCTTTTAA 2299	
Db	1391	GGACTCCCCCTTTTA 1404	

[illegible]

```

FEATURES
SOURCE
Location/Qualifiers
1..787
/organism="Triticum aestivum"
/mol_type="mRNA"
/cultivar="recital"
/db_xref="taxon:4565"
/cdname="G118124L04"
/tissue_type="grain (118 degrees per day after
pollination)"
/clone_idb="G118"

```

Query Match	22.6%	Score 575.2	DB 14	Length 787
Best Local Similarity	84.7%	Pred. No. 8.1e-138		
Matches 657, Conservative	0	Mismatches 118	Indels 1	Gaps 1

OY	563	AAATGATCCATCAGCACTAGAAAGCTCCCATATGAGATTCATCTGGTATATTTCTGGGA	622

Db	12	AAAGTATGCCATCGTAGAGGAAAGGCTCCATACGAGGATTCATCTGGTATATCTGGGA	71
QY	623	TAAAGACAGCTTACAGAGACGTGTGGACCTGGAACTGAAAGCTGATATCCCTATATCTGCT	682
Db	72	TAAATGACGTTTGGAGAGGCTTACTGCGCACTTGGAACTGAAAGCTGATCTCTCTGTTCTCT	131
QY	683	CAGTATGTGATGGGTGTATAGTGTGTCCACCAAGTGAAACATCATCAAAATCATACA	742
Db	132	TAGTGAATGTGATGGCTCTACAGCGGCTCCACCAAGTGAACTTCATCAAGTTATATACA	191
QY	743	CACCTATATTTAAABAAAGCATCGACGAGAAATACCTTTGGAGACAATCTCGTGTAG	802
Db	192	TACTTATATCAGGAAAAACATATTCATGAATATTACTTTGGAGCAAGTCCCGTGTGG	251
QY	803	TAGAGGAGCATGACAGCAAAAGTGAAGGCTGCTGTCTTGCTTCAAATAGCGCACACC	862
Db	252	TAGAGGTGCGATGACAGCTAAAGTCCAAAGCTGTGTGGGCTTCMAAGGGGTGTAC	311
QY	863	TGTGTTATTAACAAGTGGGTGTGAATAATCGAGCATTTTAAAGTCTTCATGGGGAAA	922
Db	312	TGTTGTATTAACAAGTGTGTGATGTGATCTCAAGGCTGTGTAAAGTCTCCGTTGGGAAA	371
QY	923	AATGTGTACTCTCTTTCACAAGATGCGAATTTGTGGATCATCTAAGATGTATGATAC	982
Db	372	AATGTGTACTCTTTTTCATAAAATGCAAGTTTGTGGAAACATCCAGACACCAAGTGT	431
QY	983	TCTGTGAATGCTGCTGTGCGCAAGATGTTCGAAGCATTTACAGAAATTTGTCTACGA	1042
Db	432	CCGTGAATGTGCTGTGTGTGACCGGATGTGTCAAGGGCTGTACAGAAATTTGACATCGA	491
QY	1043	GGAACGAAAAAGATATTTGTGAGATGTGTCAGATGCTTTGGAGGCAAAATGAGATTTAT	1102
Db	492	GGAACGCAAGAAATATTTAGTATGATGTGTGCGGATGCTTTAGAGCAAAATGAGATTTAT	551
QY	1103	AAGGCTTGAGATGAAGCTGATAGTGTAGCTGCGGCCCAAGTTGCTGATATGGAAGCTTT	1162
Db	552	TAGATCCGAGATGAAGAGATTTTAGCAGCAGCAATGAGGCTGGATATGAGATGCTTT	611
QY	1163	GGTGTGATGATGTGCTATTAATAACAGGAAAGATGACAGGCTTGCAAAATCTATCTGTAC	1222
Db	612	GGTTCATGATGTGCTCTGAACACAGAAAGATGACAGGCTTGCAAAATCTGTTCGAC	671
QY	1223	CTTTCGAATATGAGAAAGCCTATATAACAGATATCTTAAAAAGACAAGGTTGCTGATGA	1282
Db	672	TCTTGCATATGAGAAAGCCTATATAACGATATCTGAAAAAGACAGAGGTTGCTGATGG	731
QY	1283	TTTATGTTCTTGAGAAACATCTTGCCCATTTAGGTTCTCTTAATGTTTGTGAG	1337
Db	732	TTTATGTTCTTGAGAAACATCTTGCCCATTTGAGGTTGTTCTATGATATATTTGAG	787

RESULT 5
CD869253
LOCUS
DEFINITION
ACCESSION
VERSION
KEYWORDS
SOURCE
ORGANISM
REFERENCE
AUTHORS
TITLE
JOURNAL
COMMENT

CD869253 698 bp mRNA linear EST 11-JUL-2003
AZO2.111C08F001124 AZO2 Triticum aestivum cDNA clone AZO2111C08,
mRNA sequence.
CD869253
CD869253.1 GI:32553069
EST.
Triticum aestivum (bread wheat)
Triticum aestivum
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Poales; Poaceae;
Pooidae; Triticeae; Triticum.
1 (bases 1 to 698)
Genopante.
Genopante, a major partnership french program in plant genomics
unpublished (2003)
Contact: Genopante
Genopante
93, rue Henri Rochefort 91025 EVRY CEDEX France
Tel.: 33 1 69 47 54 00
Fax: 33 1 69 47 54 10

This sequence has been generated in the framework of the french plant genomics programme 'Genoplante' (<http://www.genoplante.com>) and <http://genoplante-info.infobiogen.fr>.

FEATURES	Location/Qualifiers
source	1. .698

ORIGIN

Query Match	22.1%;	Score 563.6;	DB 14;	Length 698;
Best Local Similarity	88.0%;	Pred. No. 7.9e-135;		
Matches 614;	Conservative	0;	Mismatches 84;	Indels 0;
				Gaps 0;

[illegible]

Qy 1187 AGGAAGATGCAAGCCTTGCAAAATCTATTCGACCCCTTGCAAAATATGGAAGACCTTAT 124

Db 61 AGGAAGATGCAAGCCTTGCCAAATCTGTTCGACACTCTTGCGAATATGGAAGACCTTAT 120

Qy 1247 AAACGAGTACTTAAAGAAGAGAGTTCGTGATGATTGTTGTTGAGAAAACATCTTG 1300
Db 121 TAACTAGATPACTGAAAAGACAGAGGTTCGTGATGTTTGTTGTTGAGAAAACATCTTG 180

1307 CCCATTAGGTGTTCTCTTAATTGTTTTTGAGTCCGACCGATGCTTGGTTCAGATTGC 1366
 |||||
 181 CCCCTTGGGTGTTCAATTGATTATTTGAGTCCGACCGATGCTTAGTCCGATTGC 240
 |||||

Oy 1367 ATCTTTGGCAATTGCAAGTGTAAATGTCCTCTCTAAAGGTGGAAAGAGCTATCAG 1422
 Db 241 CTTCTTTTGGCTTCTGTAAGTGTAAATGTCCTCTCTCTAAAGGTGGAAAGAGCTATCAG 300

1427 ATCAAACACGATATTGCATAGGTTATTAAGTGATGCTATTCTCGTAATGTTGGTAAAA 1488

1487 ACTTATTGGCCTGTACACTAGAGATGATCCGAGTTTGTAAAGCTTGATGATGT 1544

1547 CATTCATCTTGTCACTCCAGAGGAAGTATAGCTTGTCTCAATCAAGCCCTCAC 1600

1607 TAAGATTCCTGTTCTTGGGATGCTGATGGTATATGCCAGTATATTTGACAAATCAGC 1660

DG 481 AATGGATCCCGTCTTGCCCAAGCAGACGAGTTGGTCAGGAAATGACCATTAACGC

QY 1667 TGACATGATATGCCAAAATTATGTGAATGAGATGCAAAACTGATTACCAGACGCTG 1722

DB 541 AGACATGGATVAGCCAAACCGTATTCGATGGAGTGCAGAAAATGGATATCCCACTCCG 600

DY 1727 CAATGCAATGAGACCTTACTATTGTTATTAAGATCTTATGAAGATCCAGGCGTTGACGA 1780

Db 601 CAACCAATGAGAGCTTGCCTGTCATTAAGATCTTATGAGAGATCCAGAACTTAATGA 660

Qy 1787 CATATTAGTAGCACTAAAAACAGAAAGAGTTAATATTT 1824

RESULT 6	LOCUS	DEFINITION	ACCESSION
AU094664	AU094664	689 bp mRNA	linear
	AU094664	Rice panicle (longer than 10cm)	EST 03-APR-2000
		cultivar:group) CDNA clone E20409, mRNA sequence.	
	AU094664		

[illegible]

REFERENCE	1 (bases 1 to 689)
AUTHORS	Sasaki, T., and Yamamoto, K.
TITLE	Rice cDNA from panicle (longer than 10cm). (2000)
JOURNAL	Unpublished (2000)
COMMENT	Contact: Takuji Sasaki

FEATURES	location/Qualifiers
source	1. .689
	Journal "Communications (Literature and Fine Arts)"

Query Match	21.9%;	Score 558.6;	DB 9;	Length 689;
Best Local Similarity	96.2%;	Pred. No. 1.6e-133;		
Matches 612; Conservative	0;	Mismatches 19;	Indels 5;	Gaps 4.

```

QY      1917 GTTGATGATGTTCAATCAGCAATTGACCATATTTCATCGTTATGG-AAAGTGTCTCATACAGA 1977
      |||||
Db      1 GTTGATGATGTTCCAAATCGGCCCATTTGCCCATATTTCACCGTTATGAGAAAGTGTCCCATACAGA 60

```

QY 1976 TTGTATCGTCACATA--CAGATGATAAGTAGAGACAGACTTTTCTACGCAGAGTTGATAGT 203
|||||
|||
Db 61 TTGTATCGGCTACTACAGATGATAGTAGAGACAGACTTTTC-ACGCAGAGTTGATAGT 119

2034 GCTGCTGATTTTCATATGCAAGACGAGATTCTGATGGGCGCTTTTGATTGGGT 209
 209
 210 GCTGCTGATTTTCATATGCAAGACGAGATTCTGATGGGCGCTTTTGATTGGGT 179
 211

2094 GCTGAGGTTGGCATTAAGCACAGGGCGTATCCATGCCCCGTGGACCAAGTGGGTGTTGAAGTT 215

2154 CTCTTAACACACGATGGATCTTGCAGAGACGTGGCGAAGTGCTGAATGCTGACACAGGAT 221

2214 GTCGTACACCCATAGAGTCTTTCCTTGC AATGAGGTCAATGCTCCTTTAGCTGT 2227

2274 TCAGGAGTGGTGATATTCCTTTAAGATGATTGACTTATTTGTGCATCTGTA 233

2334 CAAGCATTTATTGGGGCAATCCGATGATATTTGGGGGTTCCCATTTCAAT 2339

2394 GTGACACCAAAATTAATTCATCAGTTCGAGAGCAAGATTTGGAGTTCAGCTTCTCC 245

DB 479 GAGACCCAAAAAATATTCATCAGATCTGAGGCAAGGATTTTGGAGGTTCCAGGCTTCTCC 250

QY 2454 ATGTATATAGTAATTCACTTCTGAGAACTTGTGTAACAAAGCGCTATGTTGCTGTAAT 251

Db 539 ATGTAATTAAGTAATTCAGTTCTGAGAACTGTGTGATCAAGCGCTATGTTGTTAT 598
 QY 2514 GAGCGATTAACATCTGTGATTCACATTTACTAA 2549
 Db 599 GAGCGATTAACATCTGTGATTCACATTTACTAA 634

RESULT 7
 LOCUS CD869839 693 bp mRNA linear EST 11-UTL-2003
 DEFINITION AZ02.112M10F001124 AZ02 Triticum aestivum cDNA clone AZ02112M10,
 mRNA sequence.
 ACCESSION CD869839
 VERSION CD869839.1 GI:32553655
 KEYWORDS EST.
 SOURCE Triticum aestivum (bread wheat)
 ORGANISM Triticum aestivum
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Poales; Poaceae;
 Poideae; Triticeae; Triticum.
 1 (bases 1 to 693)
 REFERENCE 1 Genoplaante.
 AUTHORS Genoplaante, a major partnership french program in plant genomics
 JOURNAL Unpublished (2003)
 COMMENT Contact: Genoplaante
 Genoplaante
 93, rue Henri Rochefort 91025 EVRY CEDEX France
 Tel: 33 1 69 47 54 00
 Fax: 33 1 69 47 54 10
 This sequence has been generated in the framework of the french
 plant genomics programme 'Genoplaante' (<http://www.genoplaante.com>
 and <http://genoplaante-info.infobiogen.fr>).
 Location/Qualifiers
 1..693
 /organism="Triticum aestivum"
 /mol_type="mRNA"
 /cultivar="rectal"
 /db_xref="taxon:4565"
 /clone="AZ02112M10"
 /tissue_type="root"
 /clone_lib="AZ02"

ORIGIN
 Query Match 21.9%; Score 557; DB 14; Length 693;
 Best Local Similarity 87.7%; Pred. No. 4.1e-133;
 Matches 608; Conservative 0; Mismatches 85; Indels 0; Gaps 0;

QY 1284 TTAGTTCTGAGAAACATCTGCGCATTTAGTGTCTCTTAATGTTTGGATCCGA 1343
 Db 1 TTAGTTCTGAGAAACATCTGCGCATTTAGTGTCTCTTAATGTTTGGATCCGA 60
 QY 1344 CTTGATGCTTGGTTCATGATTCATTTGGCAATTCGAAGTGATGATGCTTCTCTTA 1403
 Db 61 CTTGATGCTTGGTTCATGATTCATTTGGCAATTCGAAGTGATGATGCTTCTCTTA 120
 QY 1404 AAAGGTGAAAAGAGCTATCAATCAAGATTAATGATTAAGTTAATGATGCT 1463
 Db 121 AAAGGTGAAAAGAGAGATCAATCAAGATTAATGATTAAGTTAATGATGCT 180
 QY 1464 ATTCTCTGATGTTGGTGAAGAACTTATGCTTGTATCAACTAGAGATGATGCA 1523
 Db 181 ATTCTCTGATGTTGGTGAAGAACTTATGCTTGTATCAACTAGAGATGATGCA 240
 QY 1524 GATTGCTAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1583
 Db 241 GATTGCTAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 300
 QY 1584 GTCTCTCAATCAAGGCTCACTAGATTCCTGTTCTTGGGATGCTGATGATATGCT 1643
 Db 301 GTCTCTCAATCAATCACTAGATTCCTGTTCTTGGGATGCTGATGATATGCT 360
 QY 1644 CAGCTATATGATCAAACTAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1703

Db 361 CATGATATATTGACAAATCAAGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 420
 QY 1704 AAAATGATTTACCGACAGCTGCTGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1763
 Db 421 AAAATGATTTACCGACAGCTGCTGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 480
 QY 1764 ATGAAGATCCAGGCTTGAAGACATTTAGTACATTAATAAAGAGAGATTAATAT 1823
 Db 481 ATGAAGATCCAGGCTTGAAGACATTTAGTACATTAATAAAGAGAGATTAATAT 540
 QY 1824 TATGATGACCTATGTCGACAAAGCTCTGGAATTTCCAAAGCTGTTTCATTCATCAT 1863
 Db 541 TATGATGACCTATGTCGACAAAGCTCTGGAATTTCCAAAGCTGTTTCATTCATCAT 600
 QY 1864 GAGTATGATTTAGTGTGACATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1943
 Db 601 GAGTATGATTTAGTGTGACATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 660
 QY 1944 CATATTCATGCTTATGAGAGTCTCATACAGAT 1976
 Db 661 CATATTCATGCTTATGAGAGTCTCATACAGAT 693

RESULT 8
 CA498255 714 bp mRNA linear EST 14-NOV-2002
 LOCUS WHB3241_A09_A17ZT wheat meiotic anther cDNA library Triticum
 DEFINITION aestivum cDNA clone WHB3241_A09_A17, mRNA sequence.
 ACCESSION CA498255
 VERSION CA498255.1 GI:24989202
 KEYWORDS EST.
 SOURCE Triticum aestivum (bread wheat)
 ORGANISM Triticum aestivum
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Poales; Poaceae;
 Poideae; Triticeae; Triticum.
 1 (bases 1 to 714)
 REFERENCE 1 (bases 1 to 714)
 AUTHORS Anderson, O.D., Chao, S., Crossman, C., Langridge, P., Lazo, G.R.,
 Pham, V., Rausch, C.J., Sutton, T., Woo, J. and Wilson, C.
 TITLE The structure and function of the expressed portion of the wheat
 genomes - Meiotic anther cDNA library
 JOURNAL Unpublished (2002)
 COMMENT Contact: Olin Anderson
 US Department of Agriculture, Agriculture Research Service, Pacific
 West Area, Western Regional Research Center
 800 Buchanan Street, Albany, CA 94710, USA
 Tel: 5105595773
 Fax: 5105595818
 Email: oanderson@pw.usda.gov
 Sequences have been trimmed to remove vector sequence and low
 quality sequence with phred score less than 20
 Seq primer: T7 primer.
 Location/Qualifiers
 1..714
 /organism="Triticum aestivum"
 /mol_type="mRNA"
 /cultivar="Chinese Spring"
 /db_xref="taxon:4565"
 /clone="WHB3241_A09_A17"
 /tissue_type="Anther"
 /dev_stage="Meiotic stages pre-meiosis-metaphase I"
 /lab_host="E. coli DH10B"
 /note="Vector: pSPORT1; Site 1: SalI; Site 2: NotI; Plants
 were grown in a glasshouse. Anther meiotic stage was
 determined by removing anthers from individual primary
 florets. One anther was sacrificed for microscopic
 staging, and if determined to be between (and including)
 meiotic stages pre-meiosis and metaphase I, the remaining
 two anthers were collected and pooled for library
 construction. The tissue, total RNA, and poly(A) RNA were
 prepared, cDNA synthesised, and directionally ligated into
 pSPORT1 by Tim Sutton in the P Langridge Lab at the

ORIGIN

Department of Plant Science, University of Adelaide, Waite Campus, Australia. Average insert size 1.5kb. Plasmid DNA preparations and DNA sequencing were performed in the OD Anderson Lab (all other authors)."

Query Match 21.8%; Score 556.8; DB 14; Length 714;
Best Local Similarity 86.9%; Pred. No. 4.6e-133;
Matches 612; Conservative 0; Mismatches 92; Indels 0; Gaps 0;

1542 GATGTCATTGATCTTGTGCTCACTCAAGAGAGATTAAGCTTGTCTCTCAATCAAGCG 1601
11 GATGTCATTGATCTTGTGCTCACTCAAGAGAGATTAAGCTTGTCTCTCAATCAATCA 70
1602 TCAACTAGATTCCTCTTCTTGGGATCTCTGATGATATCCCGATATATTTGACAAA 1661
71 TCMAAAGAGATTCCTCTTCTTGGGATCTCTGATGATATCCCGATATATTTGACAAA 130
1662 TCAGCTGACATGATGATGAGCAAACTTATGTAATGATGACAAAACCTGATTACCCAGCA 1721
131 TCAGCAGACATGATGATGAGCAAACTTATGTAATGATGACAAAACCTGATTACCCAGCT 190
1722 GCTTCGCAATGCAATGAGAACCTTACTAGTTCAATAGATCTTAAAGAGTCCAGGCTT 1781
191 GCTTCGCAATGCAATGAGAACCTTACTAGTTCAATAGATCTTAAAGAGTCCAGGCTT 250
1782 GACGACATATTAAGTATGACATAAAACAGAGAGATTAATTTATGTTGAGCACTATGCG 1841
251 AATGACATATTAAGTATGACATAAAACAGAGAGATTAATTTATGTTGAGCACTATGCG 310
1842 CACAAAGCTCTGGGATTTCCAAAGCTGTTTCATTTCACTAGATATAGTTATGTTGCGC 1901
311 CATAAAGATTTGGGCTACCCGAAAGAGATTCATTAACATGAGATTCAGTTCTTATGCT 370
1902 TGCACTGTTGATGTTGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1961
371 TGCACTGTTGATGTTGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 430
1962 AGTGTCTATACAGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2021
431 AGTGTCTATACAGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 490
2022 AGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2081
491 CAAGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 550
2082 TTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2141
551 TTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 610
2142 GGTGTTGAAGGTTCTTTAATCTACAGATGATCTTTCGAGAGAGCTGGGCAATGCTGAT 2201
611 GGTGTTGAAGGTTCTTTAATCTACAGATGATCTTTCGAGAGAGAGGCAATGCTGAT 670
2202 GGTGCAAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2245
671 GGTGCAAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 714

RESULT 9
CA754084 620 bp mRNA linear EST 27-NOV-2002
LOCUS BR040010000 PLATE_D06_44_048.ab1 Oryza sativa (japonica cultivar-group) cDNA clone BR040010000 PLATE_D06_44_048.ab1 similar to Delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthetase (P5CS) [includes], mRNA sequence.

ACCESSION
CA754084
VERSION
CA754084.1 GI:25798187
KEYWORDS
EST.
SOURCE
Oryza sativa (japonica cultivar-group)
ORGANISM
Oryza sativa (japonica cultivar-group)
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Poales; Poaceae;

REFERENCE

Enthartoidae; Oryzae; Oryza.
1 (bases 1 to 620)
Bohner, H., Borchert, C., Brazille, S., Brooks, J., Eaton, M., Ferreira, H., Kawasaki, S., McColough, A., Michalowski, C.B., Palacios, C., Scara, G., Wheeler, M. and Zepeda, G.R.
Functional Genomics of Plant Stress Tolerance
Unpublished (2000)
Contact: Mark Fredrickson
Department of Plant Biology
University of Illinois
1201 W. Gregory Dr., Urbana, IL 61801, USA
Tel: 2172655473
Email: bohnerlab@life.uiuc.edu.

JOURNAL

Unpublished (2000)

COMMENT

Unpublished (2000)

FEATURES

source
1..620
/organism="Oryza sativa (japonica cultivar-group)"
/mol_type="mRNA"
/cultivar="Nipponbare"
/db_xref="taxon:39947"
/clone="BR040010000 PLATE_D06_44_048.ab1"
/tissue_type="roots"
/dev_stage="3-4 weeks"
/clone_lib="OR"
/note="19 h 200mM NaCl"

ORIGIN

Query Match 21.8%; Score 555.2; DB 14; Length 620;
Best Local Similarity 99.3%; Pred. No. 1.1e-132;
Matches 558; Conservative 0; Mismatches 3; Indels 1; Gaps 1;

1978 GATGTCATCTACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2037
1 GATGTCATCTACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 60
2038 CCGATATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2097
61 CCGATATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 120
2098 AGGTGGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2157
121 AGGTGGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 180
2158 TAACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2217
181 TAACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 240
2218 TGTACACCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2277
241 TGTACACCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 300
2278 GAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2337
301 GAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 360
2338 CATCTTATGCGGCAATCCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2397
361 CATCTTATGCGGCAATCCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 419
2398 CACCAAAATTAATCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2457
420 CACCAAAATTAATCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 479
2458 AATTAATTAATCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2517
480 AATTAATTAATCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 539
2518 GATCTAATCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2549
540 GATCTAATCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 571

RESULT 10

CA501661

Email: stein@ik-gatersleben.de
 Insert Length: 680 Std Error: 0.00
 Plate: 3 row: E column: 9
 Seq primer: M13uni.
 Location/Qualifiers
 1..680
 /organism="Hordeum vulgare subsp. vulgare"
 /mol_type="mRNA"
 /cultivar="barke"
 /sub_species="vulgare"
 /db_xref="GABI:146078"
 /db_xref="taxon:112509"
 /clone="HU03E09"
 /issue_type="germinating seeds"
 /dev_stage="germinating seeds, 16-48 h"
 /lab_host="XL10-Gold"
 /clone_1fb="HU"

/note="Vector: pBluescript SK+; Site: 1: EcoRI (5'-end of cDNA); Site 2: XhoI (3'-end of cDNA); germinating seeds, 16-48h. Due to a cloning artefact caused by the kit, in most cases the EcoRI site is NOT present, as well as the EcoRI adapter used for cloning. To excise the insert, restriction sites upstream EcoRI should be used (e.g. BamHI, SalI, PstI). NOTE: Also due to the cloning system used Blue/white selection for recombinants is not 100% reliable. Average insert size is 1.2 kb"

ORIGIN

Query Match 21.2%; Score 540.8; DB 13; Length 680;
 Best Local Similarity 87.2%; Pred. No. 6.5e-129;
 Matches 593; Conservative 0; Mismatches 87; Indels 0; Gaps 0;

1293 GAGAAACATCTGGCCATGAGTCTCTTAATGTTTGAATCCGACCTGATGCC 1352
 1 GAGAAACATCTGGCCATGAGTCTCTTAATGTTTGAATCCGACCTGATGCC 60
 1353 TTGCTTCAGATGATCTTTGGCAATGGAAGTGTATGCTCTTCTTAAAGTGTGA 1412
 61 TTGCTTCAGATGATCTTTGGCAATGGAAGTGTATGCTCTTCTTAAAGTGTGA 120
 1413 AAGAAGCATCATGATCAACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1472
 121 AAGAAGCATCATGATCAACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 180
 1473 AATGTTGTGAAAACTTATTTGGCTTTTCACTAGATGATGATGATGATGATGAT 1532
 181 AATGTTGTGAAAACTTATTTGGCTTTTCACTAGATGATGATGATGATGATGAT 240
 1533 AAGCTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1592
 241 AAGCTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 300
 1593 ATCAAGGCTCACTAAGATTCCTTCTTTGGGCAATGCTGATGATGATGATGAT 1652
 301 ATCAAGGCTCACTAAGATTCCTTCTTTGGGCAATGCTGATGATGATGATGAT 360
 1653 ATTGACAAATCGCTGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1712
 361 ATTGACAAATCGCTGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 420
 1713 TACCAAGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1772
 421 TACCAAGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 480
 1773 CCAAGGCTTGAAGCATTTAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1832
 481 CCAAGGCTTGAAGCATTTAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 540
 1833 CCAATGCGCAAAAGCTCTGGGATTTCCAAAGCTGTTTCATTCATGATGATGAT 1892
 541 CCAATGCGCAAAAGCTCTGGGATTTCCAAAGCTGTTTCATTCATGATGATGAT 600
 1893 TCTATGCGCTGCACTGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1952

Db 601 TTTATGCTTGACACGTTGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 660
 QY 1953 CGTATGGAAGTGTCTATAC 1972
 Db 661 CGCTATGGAAGTGTCTATAC 680

RESULT 15
 CD919380 749 bp mRNA linear EST 15-JUN-2003
 LOCUS G608.113C22F010911 G608 Triticum aestivum cDNA G608113C22,
 DEFINITION mRNA sequence.
 ACCESSION CD919380
 VERSION CD919380.1 GI:32767144
 KEYWORDS EST
 SOURCE Triticum aestivum (bread wheat)
 ORGANISM Triticum aestivum
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Poales; Poaceae;
 Poideae; Triticaceae; Triticum.
 1 (bases 1 to 749)
 REFERENCE
 AUTHORS Genoplante.
 TITLES Genoplante, a major partnership french program in plant genomics
 JOURNAL Unpublished (2003)
 COMMENT Contact: Genoplante
 Genoplante
 93, rue Henri Rochefort 91025 EVRY CEDEX France
 Tel: 33 1 69 47 54 00
 Fax: 33 1 69 47 54 10
 This sequence has been generated in the framework of the french
 plant genomics programme 'Genoplante' (<http://www.genoplante.com>
 and <http://genoplante-info.infobiogen.fr>).
 Location/Qualifiers
 1..749
 /organism="Triticum aestivum"
 /mol_type="mRNA"
 /cultivar="rectal"
 /db_xref="taxon:4565"
 /clone="G608113C22"
 /issue_type="grain (608 degrees per day after
 pollination)"
 /clone_1fb="G608"

FEATURES

ORIGIN

Query Match 21.2%; Score 540.2; DB 14; Length 749;
 Best Local Similarity 86.1%; Pred. No. 9.7e-129;
 Matches 621; Conservative 0; Mismatches 98; Indels 2; Gaps 2;

1463 TATTCCTGTAATGTTGTGAAAACTTATTTGGCTTTTCACTAGATGATGATG 1522
 12 TATTCCTGTAATGTTGTGAAAACTTATTTGGCTTTTCACTAGATGATGATG 71
 1523 AGATTGCTAAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1582
 72 GATTTGCTAAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 131
 1583 TGTCTCTAAATCAAGCGCTCACTAAGATTCCTGTTCTTGGGCAATGCTGATG 1642
 132 TGTCTCTAAATCAAGCGCTCACTAAGATTCCTGTTCTTGGGCAATGCTGATG 191
 1643 CCAATGATATTTGACAAATCAAGCGCTCACTAAGATTCCTGTTCTTGGGCA 1702
 192 TCAATGATATTTGACAAATCAAGCGCTCACTAAGATTCCTGTTCTTGGGCA 251
 1703 AAAAATGATTTACCCAGAGCTGCTGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATG 1762
 252 AAAAATGATTTACCCAGAGCTGCTGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATG 311
 1763 TATGAGAGTCCAGGCTTGAAGCATTTAGTATGATGATGATGATGATGATGAT 1822
 312 TATGAGAGTCCAGGCTTGAAGCATTTAGTATGATGATGATGATGATGATGAT 371

Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0; Matches 2549; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 1 GCAGCTGCGCGCGAGCGCGAGAGCGTGGAGAGGATTTACAGGTAGAGGAGAGG 60
Db 1 GCAGCTGCGCGCGAGCGCGAGAGCGTGGAGAGGATTTACAGGTAGAGGAGAGG 60

QY 61 TGGAGAGAGAGAGCGTGGAGAGGATTTGGCGATGGCGAGAGGATTTGGCGCC 120
Db 61 TGGAGAGAGAGAGCGTGGAGAGGATTTGGCGATGGCGAGAGGATTTGGCGCC 120

QY 121 GAGAGCTGAGAGAGCGTGAAGCGCGTCAATCAAGTGGGCACTGCACTGTCTCCA 180
Db 121 GAGAGCTGAGAGAGCGTGAAGCGCGTCAATCAAGTGGGCACTGCACTGTCTCCA 180

QY 181 GACAAATGAGAAATGGCTTTGGGCGAGGTTGGAGCTCTGTGGAGAGAGTTAGAAC 240
Db 181 GACAAATGAGAAATGGCTTTGGGCGAGGTTGGAGCTCTGTGGAGAGAGTTAGAAC 240

QY 241 TGAATCTTTAGAGATPACAGATGATTTGGTCACTCAAGTGGTGTGGAGTGGGCGAC 300
Db 241 TGAATCTTTAGAGATPACAGATGATTTGGTCACTCAAGTGGTGTGGAGTGGGCGAC 300

QY 301 AGCGATTAAGTACCGGAGGCTTGTCAATAGCAGCTTTGTGATCTGCAAAAGCCACAGA 360
Db 301 AGCGATTAAGTACCGGAGGCTTGTCAATAGCAGCTTTGTGATCTGCAAAAGCCACAGA 360

QY 361 TGGAGTTGATGAGAAAGCTTGTCCCGTGTGGTCAAGTGAAGTGAAGGCTTTAGCG 420
Db 361 TGGAGTTGATGAGAAAGCTTGTCCCGTGTGGTCAAGTGAAGTGAAGGCTTTAGCG 420

QY 421 ATATGTGTTTAAACCAATGAGATGTCTGTCATCTCACTTTGTGACCGAGAGTAT 480
Db 421 ATATGTGTTTAAACCAATGAGATGTCTGTCATCTCACTTTGTGACCGAGAGTAT 480

QY 481 TTTGAGAACCCAAAGTTCGGGAGCACTCACTGAAGCTTTGAGTCACTTATTTAGATT 540
Db 481 TTTGAGAACCCAAAGTTCGGGAGCACTCACTGAAGCTTTGAGTCACTTATTTAGATT 540

QY 541 AAGTTATCAAAATTTTATGAAATGATGCTCATCAGCACTAGAAAGCTTCCATATAGG 600
Db 541 AAGTTATCAAAATTTTATGAAATGATGCTCATCAGCACTAGAAAGCTTCCATATAGG 600

QY 601 ATTCACTGTGATATTTCTGGGATATGACAGTTTGAAGAGCTGTGGCACTGGAACTGA 660
Db 601 ATTCACTGTGATATTTCTGGGATATGACAGTTTGAAGAGCTGTGGCACTGGAACTGA 660

QY 661 AAGCTGATCTCCTTATTTCTGCTCAGTGAATGAGTGGTGTATAGTGTCCACCAAGTG 720
Db 661 AAGCTGATCTCCTTATTTCTGCTCAGTGAATGAGTGGTGTATAGTGTCCACCAAGTG 720

QY 721 AACCATCAAAATCAATACACTTATTTAAAGAAAGCATCACAAGAAATCACTT 780
Db 721 AACCATCAAAATCAATACACTTATTTAAAGAAAGCATCACAAGAAATCACTT 780

QY 781 TTTGAGAGCAATCTGTAGTGAAGAGGATGACAGCAAAAGTGAAGGCTGTCTCT 840
Db 781 TTTGAGAGCAATCTGTAGTGAAGAGGATGACAGCAAAAGTGAAGGCTGTCTCTCT 840

QY 841 TGGCTTCAAAATAGCGGCAACCTGTGTTATTAAGAGTGGTGTGAAGTGGAGACTTC 900
Db 841 TGGCTTCAAAATAGCGGCAACCTGTGTTATTAAGAGTGGTGTGAAGTGGAGACTTC 900

QY 901 TTTAAGTCTTCAATGGGAAAAAATTTGGTACTCTTTCAAGAAATGGCAATTTGGGG 960
Db 901 TTTAAGTCTTCAATGGGAAAAAATTTGGTACTCTTTCAAGAAATGGCAATTTGGGG 960

QY 961 AATCATCTAAGATTTAGTACTCTGTGATGAGTGTGGCGCAAGAGATTTCAAGGC 1020
Db 961 AATCATCTAAGATTTAGTACTCTGTGATGAGTGTGGCGCAAGAGATTTCAAGGC 1020

QY 1021 ATCTACAGATTTTGTATCAGAGAAAGAAAAAGATTTGTCTGATGTTTGCAGATCTT 1080
Db 1021 ATCTACAGATTTTGTATCAGAGAAAGAAAAAGATTTGTCTGATGTTTGCAGATCTT 1080

Db 1021 ATCTACAGATTTTGTATCAGAGAAAGAAAAAGATTTGTCTGATGTTTGCAGATCTT 1080

QY 1081 TGGAGGCAATGAGGATTTAATTAAGTCTGAGAAATGAAGTGTAGTGGCGCCAG 1140
Db 1081 TGGAGGCAATGAGGATTTAATTAAGTCTGAGAAATGAAGTGTAGTGGCGCCAG 1140

QY 1141 TTTGCTGATATGAGAAAGCTTGGTGTCTAGATTTGACTATAAACCAGAAAGATAGCA 1200
Db 1141 TTTGCTGATATGAGAAAGCTTGGTGTCTAGATTTGACTATAAACCAGAAAGATAGCA 1200

QY 1201 GCTTGAACAAATCTAATTTGTCACCTTGGCAATATGAAAGACCTTATTAACCAATCTTA 1260
Db 1201 GCTTGAACAAATCTAATTTGTCACCTTGGCAATATGAAAGACCTTATTAACCAATCTTA 1260

QY 1261 AAAAGACAGAGTGTCTGATATGATTTAGTCTTGGAAACATCTTGGCCATTAGAGTTC 1320
Db 1261 AAAAGACAGAGTGTCTGATATGATTTAGTCTTGGAAACATCTTGGCCATTAGAGTTC 1320

QY 1321 TCTTAATTTGTTTGTAGTCCCGACCTGATGCTTGGTCAAGATTGCAATCTTTGGCAATTC 1380
Db 1321 TCTTAATTTGTTTGTAGTCCCGACCTGATGCTTGGTCAAGATTGCAATCTTTGGCAATTC 1380

QY 1381 GAAAGTGTATATGATCTTCTCTTAAAGTGGAAAAAGAAAGCTTATGAGATCAACAGATAT 1440
Db 1381 GAAAGTGTATATGATCTTCTCTTAAAGTGGAAAAAGAAAGCTTATGAGATCAACAGATAT 1440

QY 1441 TGCATATAGATTAATCTAGATGATCTCTGTAATGTTGTGAAACCTTATTTGGCCCTTG 1500
Db 1441 TGCATATAGATTAATCTAGATGATCTCTGTAATGTTGTGAAACCTTATTTGGCCCTTG 1500

QY 1501 TTTACATCTAGATGAGATTCGACATTTGCTTAAAGCTTGTAGTGTCACTTGTCTCA 1560
Db 1501 TTTACATCTAGATGAGATTCGACATTTGCTTAAAGCTTGTAGTGTCACTTGTCTCA 1560

QY 1561 CTCCAAGAGAGATATAGAGCTTGTCTCAATCAAGGCTTCACTAGATTCCTGTTC 1620
Db 1561 CTCCAAGAGAGATATAGAGCTTGTCTCAATCAAGGCTTCACTAGATTCCTGTTC 1620

QY 1621 TTTGGGCAATGCTGATGATATGATGCAAGTATTTGCAAAATGAGCTGACATGATATGG 1680
Db 1621 TTTGGGCAATGCTGATGATATGATGCAAGTATTTGCAAAATGAGCTGACATGATATGG 1680

QY 1681 CAAACTATTTGATATGATGATGCAAAACCTGATTTCCCGAGGCTTGAAGATGAGAGA 1740
Db 1681 CAAACTATTTGATATGATGATGCAAAACCTGATTTCCCGAGGCTTGAAGATGAGAGA 1740

QY 1741 CCTTACTAGTATAGAGATCTTATGAAAGTCCAGGCTTGAAGCACTATTTAGTACAC 1800
Db 1741 CCTTACTAGTATAGAGATCTTATGAAAGTCCAGGCTTGAAGCACTATTTAGTACAC 1800

QY 1801 TAAAAACAGAGAGATTTAATTTATGTTGAGACCTTATGCGGCAAAAGCTTGGGATTC 1860
Db 1801 TAAAAACAGAGAGATTTAATTTATGTTGAGACCTTATGCGGCAAAAGCTTGGGATTC 1860

QY 1861 CAAAAGCTGTTTCAATTCATCATGAGATAGTTCATGAGGCTTGAAGTGTGTTG 1920
Db 1861 CAAAAGCTGTTTCAATTCATCATGAGATAGTTCATGAGGCTTGAAGTGTGTTG 1920

QY 1921 ATGATGTTAATCAGCAATTTGACATTTCACTGTTAAGAAAGTCTCATACAGTCTA 1980
Db 1921 ATGATGTTAATCAGCAATTTGACATTTCACTGTTAAGAAAGTCTCATACAGTCTA 1980

QY 1981 TGGTCACTACAGATATAGAGTGAAGAGACTTTTCTACAGAGATTTAGTGTGCTG 2040
Db 1981 TGGTCACTACAGATATAGAGTGAAGAGACTTTTCTACAGAGATTTAGTGTGCTG 2040

QY 2041 TATTTCAATATGCAAGTACAGATTTCTCTGATGGGCTCTTTTGGATTTGGGTCTGAG 2100
Db 2041 TATTTCAATATGCAAGTACAGATTTCTCTGATGGGCTCTTTTGGATTTGGGTCTGAG 2100

QY 2101 TTTGGCATATGCAAGGCGATATCATGCTGCGGAGCAAGTGGGTGTGAAGTCTCTTAA 2160
Db 2101 TTTGGCATATGCAAGGCGATATCATGCTGCGGAGCAAGTGGGTGTGAAGTCTCTTAA 2160

QY 2161 CTACAGATGATCTTCCGAGAGCGTGGGCAAGTGTGAATGTGACAAAGATGTCTGT 2220
Db 2161 CTACAGATGATCTTCCGAGAGCGTGGGCAAGTGTGAATGTGACAAAGATGTCTGT 2220
QY 2221 ACACCCATAAGAGTCTTCCGAGAGCGTGGGCAAGTGTGAATGTGACAAAGATGTCTGT 2280
Db 2221 ACACCCATAAGAGTCTTCCGAGAGCGTGGGCAAGTGTGAATGTGACAAAGATGTCTGT 2280
QY 2281 TAGGTAAATATCTTTTAAAGATGATGATCTTATTTTGTGATCTTGTGACAAAGAT 2340
Db 2281 TAGGTAAATATCTTTTAAAGATGATGATCTTATTTTGTGATCTTGTGACAAAGAT 2340
QY 2341 CTATATGCGGATCTCCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2400
Db 2341 CTATATGCGGATCTCCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2400
QY 2401 CAAAAATAATATCTTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2460
Db 2401 CAAAAATAATATCTTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2460
QY 2461 AAGTAAATCAATCTTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2520
Db 2461 AAGTAAATCAATCTTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2520
QY 2521 ACTAATCTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2549
Db 2521 ACTAATCTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2549

RESULT 2

US-10-425-114-31146
; Sequence 31146; Application US/10425114
; Publication No. US20040034888A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Liu, Jindong
; APPLICANT: Zhou, Yihua
; APPLICANT: Kovalic, David K.
; APPLICANT: Screen, Steven E.
; APPLICANT: Tabaska, Jack E.
; APPLICANT: Cao, Yongwei
; TITLE OF INVENTION: Nucleic Acid Molecules and Other Molecules Associated With
; TITLE OF INVENTION: Plants and Uses Thereof for Plant Improvement
; FILE REFERENCE: 38-21(5313) B
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/425,114
; CURRENT FILING DATE: 2003-04-28
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 73128
; SEQ ID NO 31146
; LENGTH: 2612
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Zea mays
; OTHER INFORMATION: Clone ID: UC-ZMFLB73134D03_FLI
US-10-425-114-31146

Query Match 61.9%; Score 1577.2; DB 12; Length 2612;
Best Local Similarity 83.2%; Pred. No. 0;
Matches 1795; Conservative 0; Mismatches 363; Indels 0; Gaps 0;

QY 96 GCATGCGAGGCTGCAACCGTCCGAGCTTGTGAGGAGCGTGAAGCGCTCATCATC 155
Db 123 GTATGCGCACCCGAGACGAGCCGATTTTATGAGGAGCGTGAAGCGCTCATCATC 182
QY 156 AAGTGGGCACTGATGCTTCCAGCAAGATGAGAAATGGCTTTGGGCAAGGTTGA 215
Db 183 AAGTGGGCACTGATGCTTCCAGCAAGATGAGAAATGGCTTTGGGCAAGGTTGA 242
QY 216 GCTGTGCGAGAGGTTAAAGAACTCTTTTGAATGAGAACTGATTTTGTGACC 275
Db 243 GTCTTTGTGAACAGGTGAAGATTAATGCTCTGAGATTAAGAGGTGATCAATGTGCTC 302
QY 276 TCAGGTCTTGTGAGAGGCGGAGCAAGCACTTAAAGTACCGAAAGCTTCAATGACGC 335

Db 303 TCAGGTCTTGTGAGAGGCGGAGCAAGCACTTAAAGTACCGAAAGCTTCAATGACGC 362
QY 336 TTTGCTGATCTGCAAAAGCCAGATGAGATTAAGTGAAGAGCTTGTGCTGTGTGT 395
Db 363 TTTGCTGATTAAGCAAAAGCCAGATGAGATTAAGTGAAGAGCTTGTGCTGTGTGTGA 422
QY 396 CAGAGTGAAGTATGCTCTTACATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 455
Db 423 CAGAGTGAAGTATGCTCTTACATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 482
QY 456 CAATCTTGTGACCGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 515
Db 483 CAATCTTGTGACCGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 542
QY 516 ACTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 575
Db 543 ACTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 602
QY 576 AGCATGAAAGGCTCATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 635
Db 603 AGCATGAAAGGCTCATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 662
QY 636 GCAGAGCTGTTGGACCTGAGAACTGAAAGCTGATCTGATGATGATGATGATGATGAT 695
Db 663 GCAGAGCTGTTGGACCTGAGAACTGAAAGCTGATCTGATGATGATGATGATGATGAT 722
QY 696 GGGTGTATAGTGTCCACCAAGTGAACCATCATCAAAATCATCAACATTAATTA 755
Db 723 GGGTGTATAGTGTCCACCAAGTGAACCATCATCAAAATCATCAACATTAATTA 782
QY 756 GAAAGATCAGCAAGAAATCATCTTTTGGAGCAAAATCTGTGTATGATGAGAGCAT 815
Db 783 GATTAATATCATTAAGAAATTAATCTTTTGGAGCAAAATCTGTGTATGATGAGAGCAT 842
QY 816 ACAGCAAAAGTGAAGCTGCTGCTTGGCTTCAATAGCGGCAACCTGTGTTATTA 875
Db 843 ACAGCAAAAGTGAAGCTGCTGCTTGGCTTCAATAGCGGCAACCTGTGTTATTA 902
QY 876 AGTGGGTTTGAATTCGAGAGATCTTAAAGTCTTATGATGAGAGAGAGAGAGAGAG 935
Db 903 AGTGGGTTTGAATTCGAGAGATCTTAAAGTCTTATGATGAGAGAGAGAGAGAGAG 962
QY 936 TTTCAAGAGATGAGATTTTGGAGATCATCTTAAGATGTTTATGATGATGATGATGAT 995
Db 963 TTTCAAGAGATGAGATTTTGGAGATCATCTTAAGATGTTTATGATGATGATGATGAT 1022
QY 996 GTTCCCGCAAGATTTGTTCAAGCATCTAAGATTTGTCATCAAGAGAGAGAGAGAG 1055
Db 1023 GTTCCCGCAAGATTTGTTCAAGCATCTAAGATTTGTCATCAAGAGAGAGAGAGAG 1082
QY 1056 ATATTGCTAATGTTGAGATGCTTGGAGAGCAAAATGAGATTAATTAAGTGTGAGAT 1115
Db 1083 ATATTGCTAATGTTGAGATGCTTGGAGAGCAAAATGAGATTAATTAAGTGTGAGAT 1142
QY 1116 GAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1175
Db 1143 GAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1202
QY 1176 ACTATTAACCGAGAGATGAGAGCTTGGCAAAATCTATTTGTATCTTGGCAAAATG 1235
Db 1203 ACTATTAACCGAGAGATGAGAGCTTGGCAAAATCTATTTGTATCTTGGCAAAATG 1262
QY 1236 GAAAGCTTAAACCGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1295
Db 1263 GAAAGCTTAAACCGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1322
QY 1296 AAAATCTTGTCCATTAAGTGTCTTAAATGTTTGAATGATGATGATGATGATGAT 1355
Db 1323 AAAATCTTGTCCATTAAGTGTCTTAAATGTTTGAATGATGATGATGATGATGAT 1382
QY 1356 GTTCAAGTGAATTTTGGCAATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1415
Db 1383 GTTCAAGTGAATTTTGGCAATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1442

QY 1416 GAAGCTATCATGATCAACACAGATATTCATAGAGTTTAACTGATCTCTCTGTAAT 1475
 DB 1443 GAAGCCATGATGATCAACAAAGTATTCATAGATTAATACGTGTCATCTCTACCAAC 1502
 QY 1476 GTTGGTAAATACTATTTGGCTTTGTACAACTAGAGATGATCCAGATTGCTAAAG 1535
 DB 1503 GTGGGTAAAACTTATTTGGCTTTGTACAACTAGAGATGATCCAGATTGCTAAAG 1562
 QY 1536 CTGATGATGATGATGATCTTTGTCATCCAGAGAAAGTAAATAGCTTGTCTCAATC 1595
 DB 1563 CTTCATGATGATGATGATCTTTGTCATCCAGAGAGAGCTGATTAAGCTTTTCAAAATC 1622
 QY 1596 AAGGCGTCACTAGATTTCCGTTCTTGGGCAATGCTGATGATGATGATGATGAT 1655
 DB 1623 AAGGCGTCACTAGATTTCCGTTCTTGGGCAATGCTGATGATGATGATGATGATGAT 1682
 QY 1656 GACAAATCAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1715
 DB 1683 GACAAATCAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1742
 QY 1716 CCAGCAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1775
 DB 1743 CCAGCAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1802
 QY 1776 GGCCTTGACGATATTTAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1835
 DB 1803 GGCCTTGACGATATTTAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1862
 QY 1836 ATTGGCGCAAAAGCTCTGGGATTTCCAAAGCTGTTTCAATTCATGATGATGATGAT 1895
 DB 1863 ATTGGCGCAAAAGCTCTGGGATTTCCAAAGCTGTTTCAATTCATGATGATGATGATGAT 1922
 QY 1896 ATTGGCGCAAAAGCTCTGGGATTTCCAAAGCTGTTTCAATTCATGATGATGATGATGAT 1955
 DB 1923 ATTGGCGCAAAAGCTCTGGGATTTCCAAAGCTGTTTCAATTCATGATGATGATGATGAT 1982
 QY 1956 TATGAAAGTGTCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2015
 DB 1983 TATGAAAGTGTCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2042
 QY 2016 CTAGCAGAGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2075
 DB 2043 CTAGCAGAGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2102
 QY 2076 GCTGCTTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2135
 DB 2103 GCTGCTTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2162
 QY 2136 CCAAGTGGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2195
 DB 2163 CCAAGTGGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2222
 QY 2196 GTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2253
 DB 2223 GTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2280

RESULT 3
 US-10-425-114-5243
 ; Sequence 5243, Application US/10425114
 ; Publication No. US20040034888A1
 GENERAL INFORMATION:
 APPLICANT: Liu, Jindong
 APPLICANT: Zhou, Yihua
 APPLICANT: Kovalic, David K.
 APPLICANT: Screen, Steven E
 APPLICANT: Tabaska, Jack E
 APPLICANT: Cao, Yongwei
 TITLE OF INVENTION: Nucleic Acid Molecules and Other Molecules Associated With
 TITLE OF INVENTION: Plants and Uses Thereof for Plant Improvement
 FID REFERENCE: 38-21(53313)B
 CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/425,114

CURRENT FILING DATE: 2003-04-28
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 73128
 ; SEQ ID NO 5243
 ; LENGTH: 2447
 ; TYPE: DNA
 ; ORGANISM: Zea mays
 ; FEATURE:
 ; OTHER INFORMATION: Clone ID: 700449031_FLI
 US-10-425-114-5243

Query Match 54.7%; Score 1395.2; DB 12; Length 2447;
 Best Local Similarity 76.7%; Pred. No. 0;
 Matches 1706; Conservative 0; Mismatches 518; Indels 0; Gaps 0;

QY 94 TCGCATGCGAGGCTGACCCGTCCTGGAGCTTGGAGGAGCTGAGGAGCTGATCA 153
 DB 15 TGGCCATGAGACCGCCATCTCGCGTGCATTTGGAGAGAGCTCAAGCATATTA 74
 QY 154 TCAAGTGGGCACTGCACTTGTCTCCAGACAAATGGAAGATTGGCTTGGGCAAGGTTG 213
 DB 75 TCAAGTGGGCACTGCACTTGTCTCCAGACAAATGGAAGATTGGCTTGGGCAAGGTTG 134
 QY 214 GAGCTCTGTGGAGAGAGTTAAGAACTGAACTCTTTAGATAGAGATGATTTGGTCA 273
 DB 135 GTTCTCTGTGAACGGTGAAGCACTGAATTTTCAAGGATATAGGTTGATTTGGTAA 194
 QY 274 CCTCAGTGTCTGTGAGTGGGAGGAGCAAGCACTTAAAGTACCGAGCTTGTCAATAGCA 333
 DB 195 CCTCAGAGT 254
 QY 334 GCTTGTCTGT 393
 DB 255 GCTTGT 314
 QY 394 GTCAAGAGTGAAGT 453
 DB 315 GTCAAGAGT 374
 QY 454 CTCAACTTCTGT 513
 DB 375 CTCAACTTCTGT 434
 QY 514 AACTGT 573
 DB 435 AACTGT 494
 QY 574 TCAGCACTAGAAAGGCTCATATGAGATTCATCTGTATATTTGGGATATGACAGTT 633
 DB 495 TCAGCACTAGAAAGGCTCATATGAGATTCATCTGTATATTTGGGATATGACAGTT 554
 QY 634 TAGCAGAGT 693
 DB 555 TAGCAGAGT 614
 QY 694 ATGGT 753
 DB 615 ATGGT 674
 QY 754 AAAAAAGCATGCAAGAAATCACTTTTGAAGCAAAATCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 813
 DB 675 AAAAAAGCATGCAAGAAATCACTTTTGAAGCAAAATCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 734
 QY 814 TGACAGCAAAAGTGAAGCTGT 873
 DB 735 TGACAGCAAAAGTGAAGCTGT 794
 QY 874 CAAAGTGGTGTGAAATGAGAGCACTTTAAAGTTCTTCAAGGGGAAAAATTTGTACTC 933
 DB 795 CAAAGTGGTGTGAAATGAGAGCACTTTAAAGTTCTTCAAGGGGAAAAATTTGTACTC 854
 QY 934 TCTTTCAAGAGATGCAATTTGTGGAGATCACTTAAGATTTAGTCTGTGTGTGTGTGTGTGT 993
 DB 855 TTTTCAAGATGCAATTTGTGGAGATTTGTGGAGATTTGTGGAGATTTGTGGAGATTTGTGG 914

Oy	454	CTCAACTCTCTGCACCGACAGTATTTTGAAACCCAAAGTCTCCGGAGCACTCACTG	513
Db	436	CTCAACTCTCTGTGACGGATGTGTATTTCAAGATCCAAAGTTTGGGAGCCAGCTCCGTG	495
Oy	514	AACTGTTGAATCATTTAATTAAGTCTTAAAGTTATPCCAATATTTATATGAATATATGCCA	573
Db	496	AGACTGTTTTTTCATCTGTTAATCTTAAAGTAGTACCCTTTATTTAAATGAGATATATGCCA	555
Oy	574	TCAGACTAAGAAAGGCTCATATAGAGATTCATCTGGATATATTCCTGGGATATATGACAGTT	633
Db	556	TCAGTACCCGAGACAGCCATATAGAGATTCATCTGGATATTTCTGGGATATATGACAGTC	615
Oy	634	TAGCAGACTGTGGACTGGAACTGAAAGCTGATCTCTTATTTCTGCTCAGTATGG	693
Db	616	TAGCAGCTCTGTTGGCAGACAACTTAATGCTGATCTCTTATATGATGTTGTATGG	675
Oy	694	ATGGGTTTATATGAGTGTCCACCAAGTAGACATATCAAAAATCATACACTATATTA	753
Db	676	AAGACTTATATGATGTCCACCAAGCGATCTCAGTCCAAATATATTCACACATATGTCA	735
Oy	754	AAGAAAGCATCAGCAGAAATTCATTTTGGAGCAAACTCGTATGATAGAGAGCA	813
Db	726	ATGAAACCATAGGAAAGCTTAATTAATTTTGGAGAAATCTAATGTATGAAAGAGTGGCA	795
Oy	814	TGACAGCAAAAGTGAAGCTGTGTCTTGGCTTCAAATAGGCGACACTTGTGTATTA	873
Db	796	TGCAAGCTTAAAGTGTCTGTCTGTCTGTAAATGCTGCATCAAAAGGTGATCTGTGTCAATG	855
Oy	874	CAAGTGGTTCGAAATATCGAGCATCTTAAAGTCTTCATGCGGAAAAAATTTGTATCTC	933
Db	856	CAAGTGGTTCGCAACGATATGACATTAAGTTCCTCAAAAGGAAAGAAATTCGTTAC	915
Oy	934	TCTTTCAACAAGATTCGGAATTTGTGGGAATCATCTTAAGAGTTATATCTGTAGATGG	993
Db	916	TTTTTCCAAAGCAAAATTTGTGGGATGTTCCAAAGAGCTACAAGCCGAGAGATGG	975
Oy	994	CTGTGTCGCGCAGAGATTTGTTCAAGGCATCTACAGAAATTTGTTCATCAGAGAAAGAA	1053
Db	976	CAGTTGCCGCAAGACACTGTTGAGGCGCTCTACAGAAATTTGTTCATCAGAGAAAGCAAC	1035
Oy	1054	AGATTTGCTATGATTTGCAAGTGTCTTGGAGCAATGAGAGTTTAAATAGTCTGAGA	1113
Db	1036	AGATTTGCTATGATTTGCTGATGCTCTGGAAGCAAAAGAGATGCAATTTGAGTCTGAAA	1095
Oy	1114	ATGAAGCTGATGTACTCGCGGCCAAGTGTGCGAATATGAGAAGCTTTGGTGTAGAT	1173
Db	1096	ATGATGCCGATGTATGAGCAGACAAAGTTGCTGTGTTATGAAGATGCTGTGTTCTAGGA	1155
Oy	1174	TGACTATATAAACCAAGAAAGATAGCAAGCCTTGCAAAATCTAATTTGTAACCTTGCAATA	1233
Db	1156	TGACCCCTAAGCCAGAGAAAGATTAACAATCTTGCAAGATTCATCTGTAAACCTGTCACA	1215
Oy	1234	TGGAAGAACCCATTAACAGAGATTACTTAATAAAGACAGAGGTTGCTGATTAATAGTTCTG	1293
Db	1216	TGAGAGAACCCATTTCCCATACATTGAAGAAAGACAGAGTTGCTTAAGATCTGGTTTTTG	1275
Oy	1294	AGAAACATCTTGCCCATTAAGTGTCTCTTAATTTGTTTTGAGTCCCGACCTGATGCTCT	1353
Db	1276	AGAAAGCATATTTGCCATTTGGGTGTTCTTCTCATTAATTTTGAAGTCTGTCTGATGAT	1335
Oy	1354	TGCTTCATATGCACCTTTTGGCAATTCGAAGTGTATATAGTCTTCTCTTAAAGSTGGAA	1413
Db	1336	TGCTTCATATGTCACTCTCTAGGATCCGAAGTGTATATAGTCTCTTTTGAAGAGAGGA	1395
Oy	1414	AAGAAAGCATCAGATCAACACAGATATTCATTAAGTTATATCTGATGCTATTCCTCTGTA	1473
Db	1396	AAGAAAGTTATGAGATCAATATGCAATATTAACAAGAGTCAATACTGAATTTATCCGATA	1455
Oy	1474	ATGTTGTGTGAAGAACTTATTTGGCTTTGTAACAAGTATGAGATGAGATTCAGATTGCTATA	1533
Db	1456	CTGTTTGGCAAAAGCTCATAGGCTTTGTGACTAGCAAAAGGAAATTTGCTGATCTTACTAG	1515

OY	1534	AGGTTGATGATGCACTTGATCTTGCACTCCACAAGAGAATTAAGCTGTCTCAAA	1593
Db	1516	CGTTTATATGTAATGTAATGATCTTGCACTCCGAGAAGTAAGTCTCTAGTTCCAAA	1575
OY	1594	TCAAGGCGTCACTAAGATTCCTGTCTTGGGCA TCGTGATGTATATGCCACGTATATA	1653
Db	1576	TCAAAACCAACCACTAAGATTCACAGTTTAAAGTCA TCGTATGATATCGCAAGTTTAACTA	1635
OY	1654	TTGACAAATACAGTCACTAGATATATGGCAAAACCTATTTGATATGGATGCAAAAACGATT	1713
Db	1636	TTGACAAATACAGTCACTAGATATATGGCAAAACCTATTTGATATGGATGCAAAAACGATT	1695
OY	1714	ACCACAGACCTTGCAATGCAATGAGACCTTACTAGTTCA TTAAGATCTTATGAAGAGTC	1773
Db	1696	ATCCAGACAGATGTAATGCAATGAGAACACTACTTGTTCATTAAGATCTTAAACAAGATG	1755
OY	1774	CAGGCTTGACGACATATTAGTAGACCTTAACAGAGAAGTAAATATTATATGGTGAAC	1833
Db	1756	AGGAACTTATATATCTATATTAGTGAACCTGAAAGAGAAAGATATATTATATATGGTGAAC	1815
OY	1834	CTATTGCGACACAAGAGCTGGGATTTTCCAAAGCTGTTTCACTTTCATCATAGATATAGTT	1893
Db	1816	CTGTTGCACTATGACAAAGTTGAAGATGCAAAAGTAAAGTCACTATTTGTCATGATATAGCT	1875
OY	1894	CTATGCTTGCACTGTTGATGTTTGTGATGATGTTCAATACATGCAATTTGACCATATTCAATC	1953
Db	1876	CAATGCGATGCAACAGTCGAAATTTGTTGATGATGTCAGAGTCAAGCTATCGATCACTAAATC	1935
OY	1954	GTTATGGAAGTGTCAATACAGATTGTATACGACATCAACAGATGATTAAGTATGACAGACTT	2013
Db	1936	GTTATGGAAGTGTCAACACAGACTGCACTATCAACAATGATAGAAAGTCTGACAGAGCCT	1995
OY	2014	TTCTACGACAGATTGATATAGTGTCTGTGATTTCTATTAATGAAGTACGAGATTCCTGTGATG	2073
Db	1996	TTCTGACAGCAAGTATATAGTGTCCGCTGTGTTCAATATGACAAGCAAGGTTTGTGATG	2055
OY	2074	GCGCTGCTTTTGATTTGGTGCTGAGGTTGGCAATPAACACAGGCGATACCATGACCCGCG	2133
Db	2056	GAGCGGTTTGGCGTAGAGTGTGAGGTTGGCAATPAAGTACAGAGCGATACCATGACCCGCG	2115
OY	2134	GACCAATGCGGTGTGGAAGTCTCTTAATACATACAGATGGAATCTTGCGAGACGTCGGGCAAG	2193
Db	2116	GACCTGTGGAAGTATGATGGAATCTTAACTAATCTCGGTGATTTTGGCGGATGGAACAAG	2175
OY	2194	TGCTGATATGCTACAGAATGTCTGTGTACACCCATTAAGAGTCTTCTTGCAATAGAGTC	2253
Db	2176	TGGTGATATGCTACAGAAGTGTGTGTGTACACCCATTAAGAGTCTTCTTGCAATAGAGCA	2235
OY	2254	AAATGCTCCCTTTTAAAGCTGTTCAGGAGTAAAGGTAAATATCCCTTTTAA	2299
Db	2236	AAATACCTCGCTTGTGTGTGTGTACGAATGGCTGGAATCCCTTTTAA	2281

RESULT 5
 US-10-425-114-32617
 ; Sequence 32617, Application US/10425114
 ; Publication No. US20040034888A1
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Liu, Jindong
 ; APPLICANT: Zhou, Yihua
 ; APPLICANT: Kovalic, David K.
 ; APPLICANT: Screen, Steven E
 ; APPLICANT: Tabaka, Jack E
 ; APPLICANT: Cao, Yongwei
 ; TITLE OF INVENTION: Nucleic Acid Molecules and Other Molecules Associated With
 ; TITLE OF INVENTION: Plants and Uses Thereof for Plant Improvement
 ; FILE REFERENCE: 38-21(5313)B
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER, US/10/425,114
 ; CURRENT FILING DATE: 2003-04-28
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 73128
 ; SEQ ID NO 32617
 ; LENGTH: 2563
 ; TYPE: DNA

ORGANISM: Zee mays
FEATURE:
OTHER INFORMATION: Clone ID: UC-ZMFLM017010E08_F11
US-10-425-114-32617

Query Match 54.4%; Score 1386.8; DB 12; Length 2563;
Best Local Similarity 76.8%; Pred. No. 0;
Matches 1694; Conservative 0; Mismatches 512; Indels 0; Gaps 0;

94 TGGCCATGCGAGCGTCGACCCGCTCCGAGCTTGTGAGGAGCGTGAAGCGCTGATCA 153
Db TGGCCATGCGAGCGTCGACCCGCTCCGAGCTTGTGAGGAGCGTGAAGCGCTGATCA 190
131 TGGCCATGCGAGCGTCGACCCGCTCCGAGCTTGTGAGGAGCGTGAAGCGCTGATCA 190
Qy TCAAGGTGGGCACTGCGAGTGTCTCCAGACAGATGGAAGATGGCTTGGGCAAGGTTG 213
Db TCAAGGTGGGCACTGCGAGTGTCTCCAGACAGATGGAAGATGGCTTGGGCAAGGTTG 250
191 TCAAGGTGGGCACTGCGAGTGTCTCCAGACAGATGGAAGATGGCTTGGGCAAGGTTG 250
Qy GAGCTCTGTGCGAGCAGGTTAAGAACTGAACTCTTAAAGATGGAAGTATTTGTCTCA 273
Db GAGCTCTGTGCGAGCAGGTTAAGAACTGAACTCTTAAAGATGGAAGTATTTGTCTCA 310
251 GTTCTCTGTGGAACAGGTGAAGCACTGAACTTTTCAAGGGTATGAGGTGATTCGTGTA 310
Qy CCGCAGGTGCTGTGAGTGGGCGCAAGCGACTTAAAGTACCGTAACCTTATCCATGACA 333
Db CCGCAGGTGCTGTGAGTGGGCGCAAGCGACTTAAAGTACCGTAACCTTATCCATGACA 370
311 CCGCAGGTGCTGTGAGTGGGCGCAAGCGACTTAAAGTACCGTAACCTTATCCATGACA 370
Qy GCTTCTGATCTGCAAAAGCCACAGATGAGTGAAGGCTTGTGCGCGCTGTG 393
Db GCTTCTGATCTGCAAAAGCCACAGATGAGTGAAGGCTTGTGCGCGCTGTG 430
371 GCTTCTGATCTGCAAAAGCCACAGATGAGTGAAGGCTTGTGCGCGCTGTG 430
Qy GTCAAGGTGCTGATGAGTGGGCGCAAGCGACTTAAAGTACCGTAACCTTATCCATGACA 453
Db GTCAAGGTGCTGATGAGTGGGCGCAAGCGACTTAAAGTACCGTAACCTTATCCATGACA 490
431 GTCAAGGTGCTGATGAGTGGGCGCAAGCGACTTAAAGTACCGTAACCTTATCCATGACA 490
Qy CTCGAATCTTGTGCAAGGCTGATGAGTGAAGGCTTGTGCGCGCTGTG 513
Db CTCGAATCTTGTGCAAGGCTGATGAGTGAAGGCTTGTGCGCGCTGTG 550
491 CTCGAATCTTGTGCAAGGCTGATGAGTGAAGGCTTGTGCGCGCTGTG 550
Qy AAACTGTGATGATATTAGATCTTAAAGTAAACCAATATTATTAAGAAATGATGCA 573
Db AAACTGTGATGATATTAGATCTTAAAGTAAACCAATATTATTAAGAAATGATGCA 610
551 AGACTGTGATGATATTAGATCTTAAAGTAAACCAATATTATTAAGAAATGATGCA 610
Qy TGAAGCTGATGATATTAGATCTTAAAGTAAACCAATATTATTAAGAAATGATGCA 633
Db TGAAGCTGATGATATTAGATCTTAAAGTAAACCAATATTATTAAGAAATGATGCA 670
611 TGAAGCTGATGATATTAGATCTTAAAGTAAACCAATATTATTAAGAAATGATGCA 670
Qy TGAAGCTGATGATATTAGATCTTAAAGTAAACCAATATTATTAAGAAATGATGCA 693
Db TGAAGCTGATGATATTAGATCTTAAAGTAAACCAATATTATTAAGAAATGATGCA 730
671 TGAAGCTGATGATATTAGATCTTAAAGTAAACCAATATTATTAAGAAATGATGCA 730
Qy ATGGGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 753
Db ATGGGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 790
731 ATGGGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 790
Qy AAGAAAGCATGCAAGAAATCATCTTTTGAAGACAATCTCTGTAGGTAGAGAGCA 813
Db AAGAAAGCATGCAAGAAATCATCTTTTGAAGACAATCTCTGTAGGTAGAGAGCA 850
791 AAGAAAGCATGCAAGAAATCATCTTTTGAAGACAATCTCTGTAGGTAGAGAGCA 850
Qy TGAAGCTGATGATATTAGATCTTAAAGTAAACCAATATTATTAAGAAATGATGCA 873
Db TGAAGCTGATGATATTAGATCTTAAAGTAAACCAATATTATTAAGAAATGATGCA 910
851 TGAAGCTGATGATATTAGATCTTAAAGTAAACCAATATTATTAAGAAATGATGCA 910
Qy CAGTGGGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 933
Db CAGTGGGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 970
911 CAGTGGGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 970
Qy TCTTTCACAAAGATGCAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 993
Db TCTTTCACAAAGATGCAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1030
971 TCTTTCACAAAGATGCAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1030
Qy CTTTTCACAAAGATGCAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1053
Db CTTTTCACAAAGATGCAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1090
1031 CTTTTCACAAAGATGCAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1090

Qy AGATATTGCTAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1113
Db AGATATTGCTAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1150
1091 AGATATTGCTAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1150
Qy ATGAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1173
Db ATGAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1210
1151 ATGAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1210
Qy TGAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1233
Db TGAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1270
1211 TGAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1270
Qy TGAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1293
Db TGAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1330
1271 TGAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1330
Qy AGAAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1353
Db AGAAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1390
1294 AGAAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1353
Qy AGAAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1390
Db AGAAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1413
1354 AGAAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1413
Qy TGGTTCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1450
Db TGGTTCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1450
1391 TGGTTCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1450
Qy AAGAAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1473
Db AAGAAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1510
1451 AAGAAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1510
Qy ATGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1533
Db ATGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1570
1511 ATGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1570
Qy AGCTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1593
Db AGCTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1630
1571 AGCTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1630
Qy TCAAGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1653
Db TCAAGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1690
1631 TCAAGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1690
Qy TGAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1713
Db TGAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1750
1691 TGAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1750
Qy ACCGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1773
Db ACCGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1810
1751 ACCGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1810
Qy CAGGCTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1833
Db CAGGCTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1870
1774 CAGGCTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1870
Qy AGGAGCTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1893
Db AGGAGCTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1930
1811 AGGAGCTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1930
Qy CTATGCTGCAAAAGCTCTGGGATTTCCAAAAGCTGTTTCAATTCATGATGATGATGAT 1953
Db CTATGCTGCAAAAGCTCTGGGATTTCCAAAAGCTGTTTCAATTCATGATGATGATGATGAT 1990
1894 CTATGCTGCAAAAGCTCTGGGATTTCCAAAAGCTGTTTCAATTCATGATGATGATGATGAT 1990
Qy CTATGCTGCAAAAGCTCTGGGATTTCCAAAAGCTGTTTCAATTCATGATGATGATGATGAT 2013
Db CTATGCTGCAAAAGCTCTGGGATTTCCAAAAGCTGTTTCAATTCATGATGATGATGATGAT 2050
1991 CTATGCTGCAAAAGCTCTGGGATTTCCAAAAGCTGTTTCAATTCATGATGATGATGATGAT 2050
Qy TTCTAGCAGAGTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2073
Db TTCTAGCAGAGTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2110
2051 TTCTAGCAGAGTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2110
Qy GAGGCTGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2133
Db GAGGCTGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2170
2111 GAGGCTGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2170
Qy GACCAAGTGGGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2193
Db GACCAAGTGGGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2193

Db 1695 TTGACAAATACGCGCATGATATGCAAAAGCATATATGATGCTAAAGATTGAT 1754
Qy 1714 ACCGAGACGCTGCAATGCAATGAGAGCTTACTATGATTAAGATCTTAAGAGCTC 1773
Db 1755 ATCCAGACGATGATATGCAATGAGAACTACTGTTATTAAGATCTTAAGAGAGCTG 1814
Qy 1774 CAGGCTTACGACATATATGATGCACTAAAGCAAGAGATTAATTTATGCTGAGC 1833
Db 1815 AGGAGCTTATGATCTATATGAGATCTTAAGAGAGAGATGATTTATGCTGAGC 1874
Qy 1834 CTATGCGCAAAAGCTGCGGATTTCCAAAGCTGTTTCAATTCATCAATGATATGAT 1893
Db 1875 CTGTCGACATGCAAGTGAAGTACCAAGGATGATCATTTGCTCATGATATGAT 1934
Qy 1894 CTATGCGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1953
Db 1935 CAATGCGATGCAAGTGAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1994
Qy 1954 GTTATGGAAGTCTCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2013
Db 1995 GTTATGGAAGTCTCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2054
Qy 2014 TTCTAGCAGAGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2073
Db 2055 TTCTAGCAGAGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2114
Qy 2074 GGGCTGTTTGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2133
Db 2115 GAGCGCTTTTGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2174
Qy 2134 GACCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2193
Db 2175 GACCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2234
Qy 2194 TGGTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2253
Db 2235 TGGTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2294
Qy 2254 AATGCTCTTTTGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2299
Db 2295 AATGCTCTTTTGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2340

RESULT 7
US-09-938-842A-1866
; Sequence 1866, Application US/09938842A
; Patent No. US20020160378A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Harper, Jeff
; APPLICANT: Kriepel, Joel
; APPLICANT: Wang, Xun
; APPLICANT: Zhu, Tong
; TITLE OF INVENTION: STRESS-REGULATED GENES OF PLANTS, TRANSGENIC PLANTS CONTAINING
; FILE REFERENCE: SCDP1300-3
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/938, 842A
; CURRENT FILING DATE: 2001-08-24
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/227, 866
; PRIOR FILING DATE: 2000-08-24
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/264, 647
; PRIOR FILING DATE: 2001-01-16
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/300, 111
; PRIOR FILING DATE: 2001-06-22
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 5379
; SEQ ID NO 1866
; LENGTH: 2181
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Arabidopsis thaliana
US-09-938-842A-1866

Query Match 43.0%; Score 1096; DB 9; Length 2181;
Best Local Similarity 69.4%; Pred. No. 2, 6e-296;

Matches 1489; Conservative 0; Mismatches 655; Indels 0; Gaps 0;
Qy 99 ATGCGAGCGTTCACCCGCTCCCGAGCTTGTGAGGAGCTGAGAGCGCCATCATCAAG 158
Db 1 ATGACGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 60
Qy 159 GTGGGCACTGACATGCTGCTCAGACAGATGAGAGATGAGAGATGAGAGATGAGAGAT 218
Db 61 GTTGGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 120
Qy 219 CTGTCGACAGAGTTAAGAGTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 278
Db 121 ATCTGTAAGAGCTGAGAGATTTAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 180
Qy 279 GGTGCTGATGAGAGTGGGCGACAGCGCATGAGGACCGAGAGCTTGTCAATGACAGCTT 338
Db 181 GTGCGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 240
Qy 339 GCTGATGCAAAAGCCAGATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 398
Db 241 GCAATTTACAGAGCCAGCAAAATGAACTGATGAGGAGCTTGTGCTGATGATGATGATGAT 300
Qy 399 AGTGAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 458
Db 301 AGCAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 360
Qy 459 CTCTGTCACCGCAGTGAATTTTGAAGAACCCAAAGTCCGGAGCACTCATGAACT 518
Db 361 ATGCTTGTGACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 420
Qy 519 GTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 578
Db 421 GTCAAGCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 480
Qy 579 ACTGAAGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 638
Db 481 ACTGCGAGAGCCCTCAAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 540
Qy 639 GCACTGTTGCACTGAGAACTGAAAGCTGATCTCTTATCTGCTGATGATGATGATGATGAT 698
Db 541 GCTCTTCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 600
Qy 699 TTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 758
Db 601 CTTCACCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 660
Qy 759 AAGCATGCAAGAAATCACTTTTGGAGCAAAATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 818
Db 661 AAACAGCAGAGAGATTTACTTTTGGGAAAGTCCAAATTTAGAGCAGAGGATGATGATGAT 720
Qy 819 GCAAAAGTGAAGGCTGCTGCTTGGCTTCAAAATGAGGAGCAGCTGCTGATTTTACAGAT 878
Db 721 GCAAAAGTGAAGGCTGCTGCTTGAATGAGCTTAAAGTGGCTTCTCTGTTTACATTAACAGAT 780
Qy 879 GGGTTGAAATGAGAGATCTTTAAAGTCTTCAATGAGGAGAAATTTGATGATGATGATGAT 938
Db 781 GGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 840
Qy 939 CACAAGATGCAATTTTGGGAAATCATCTAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 998
Db 841 CATCAAGATGCTCAATTTTGGGCTGCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 900
Qy 999 GCGCAGAGATTTTCAAGAGCTTCAAGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1058
Db 901 GCTGCAAGAGAGATCTCAAGAGCTTCAAGAGCTTCAAGAGATGATGATGATGATGATGATGAT 960
Qy 1059 TTGCTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1118
Db 961 CTACACAGCAATTTGCAATGCTTTGAAGTAAAGAGAGAAATTTAAAGCTGAGATGAT 1020
Qy 1119 GCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1178
Db 1021 TTAAGATGCTGAGCAGCAAGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1080

QY	1179	ATTAATCCAGAAAGATGTGCAAGCTTGCAAAATCTATTCGTACCGTTGCAAAATATGAA	1238
Db	1081	ATGAAGCTGGAAAGATCTCAAGCTTCGACCTTCGGTCCAGCTAAGCGAAATGGAA	1140
QY	1239	GACCCCTATPAACAGATATCTTAAAAAGACAGAGTTGCTGATGATTTAAGTTCTTGAGAAA	1298
Db	1141	GATCCAAATAGCCGCTGATTTAAAGAAAATCAGGTTGAGATGATCTTATTTTGAAGAG	1200
QY	1299	ACATCTTCCCATTAAGTGTCTCTTAATGTTTGTGATCCCACTGATGCCCTGTGGT	1358
Db	1201	ACCTCATCACAATAGGTCTTCTGTATGTTTGTGATCCCGGCTGATGCACTGTT	1260
QY	1359	CAGATTGATCTTTGGCAATTCGAAGTGTAAATGCTTCTCTTAAAGGTGGAAAAGAA	1418
Db	1261	CAGGATCTTGGCTTGCAATCCGAGTGGAAATGCTCTTCGCTGAAAGGGTGGAAAAGAG	1320
QY	1419	GCTATCAATCAAAACAGATATGCAATAGGTTATATCTGATGCTATTCCTCGTATGTT	1478
Db	1321	GCTCTCGATCAAAATGCTATCTTACAAAGGATGCACTGATGCAATTCGGAAGCTGTT	1380
QY	1479	GGTGAAAACTTATTTGCGCTTGTTACACTAGAGATGAGATCGCAGATTTGCTAAAGCTT	1538
Db	1381	GAGGGTAAACTCATGAGACTGTGACTGTGACCTCAAGAGGAGATTCCTGATTTCTCAAGTT	1440
QY	1539	GATGATGATCATTAAGTCTGTCACTCCAGAGGAAGTAAATTAAGCTGTCTCTCAATCAAG	1598
Db	1441	GATGACGTTATTTGATCTTGTATGCCAAGAGGCAACAAGCTGTGTTCTCAAAATAAA	1500
QY	1599	GCGTCAACTTAAGATTCCTGTTCTTGGGCACTGATGCTATATGCGCATATATATGAC	1658
Db	1501	AACTGAGAAATATCCAGTGTGAGGCCATGCTGATGGAATCTGCAATGATATATGTTGAT	1560
QY	1659	AAATCAGCTGACATGATATGAGCAAACTTATTTGAATGATGCAAAATCGATTAACCA	1718
Db	1561	AAAGTGGTAAACTGEGACATGGCAAAAGGCAATGTTTCCAGATGCAAAATGTGGACTATCA	1620
QY	1719	GCAAGCTTCATGCAATGAGACCTTACTAGTTCAATAGATCTTATGAAGTCCAGGC	1778
Db	1621	GCAGCTGTAAATGCCATGGAACCTCTTGTGACATTAAGATTTGGACAGAAATGGTTTT	1680
QY	1779	CTTGACGACATTTAGTAGCACTAAATAACAGAAAGATTAATTTATGCTGACCTAT	1838
Db	1681	CTCGATGATCTTATTTAATGTTGTGAAACCAAAAGCGTCACTTGTATGCTGGGCAAGA	1740
QY	1839	GCGCAAAAGCTCTGGGATTTCCAAAAGCTGTTCAATTTCATGACAGATATATAGTTCTAG	1898
Db	1741	GCAAGTGCAAACTGAATATTTCCGGAACAAAATCATTTTCACAGAGATGACGTTCAG	1800
QY	1899	GCGTCACTGTGAATTTGTTGATGATGTTCAATCAGCAATGACCAATTCATCAGTTAT	1958
Db	1801	GCGTCAACCGTTGAATGATTGAAGAAGCGTAAATGCTATATGATCATATTCACCAACAT	1860
QY	1959	GGAATGCTCATACAGATTTGATTCGCTCACTACAGATGAATAGTGAAGAGACTTTTCTA	2018
Db	1861	GGAATGTCACACACTGATTCAGTAAGTAGAGGAAGATAGTGAAGTGCAGAAATATTCCTC	1922
QY	2019	GCGCAGATGATAGTGTCTGCTGATTTTCATATATGCAAGTACAGATTCCTGATGGAGCT	2078
Db	1921	GCGCAAGTGAACAGTGTGCTGTGTTTCCACATATGACGACAAAGATTCCTGATGGTATT	1980
QY	2079	CGTTTTTGATTTGGGTGCGAGGTTTGCAATAAACAAGGCGGATACATAGCCCGTGGACA	2138
Db	1981	AGGTTTGGACTTGTGTGCTGAGGTGGAAATPAACAAGACGAGATTCATGCGGTGTCTCA	2044
QY	2139	GTGGGTTGTGAAGGTCTCTTAACTACACAGATGATCTTGCAGAGACGTGGGCAATGGTG	2198
Db	2041	GTTGGAGTGAAGGATTTATTTGCAACAACAAGATGATATGAGAGAGAAAGGACAAATGTTG	2100
QY	2199	AATGTCACAAAGATGCTGTGAACCAATAGAGCTTCCCTT	2242
Db	2101	GATGAGACAAATGAATGTTTTACACCAATTAAGATCTTCCCTG	2144

RESULT 8
US-09-938-842A-1866
; Sequence 1866, Application US/09938842A
; Publication No. US20040009476A9
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Harper, Jeff
; APPLICANT: Kieps, Joel
; APPLICANT: Mang, Xun
; APPLICANT: Zhu, Tong
; TITLE OF INVENTION: STRESS-REGULATED GENES OF PLANTS, TRANSGENIC PLANTS CONTAINING
; TITLE OF INVENTION: SAME, AND METHODS OF USE
; FILE REFERENCE: SRIPI300-3
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/938,842A
; CURRENT FILING DATE: 2001-08-24
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/227,866
; PRIOR FILING DATE: 2000-08-24
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/264,647
; PRIOR FILING DATE: 2001-01-16
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/300,111
; PRIOR FILING DATE: 2001-06-22
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 5379
; SEQ ID NO 1866
; LENGTH: 2181
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Arabidopsis thaliana
US-09-938-842A-1866

Query Match 43.0%; Score 1096; DB 11; Length 2181;
Best Local Similarity 69.4%; Pred. No. 2.6e-256;
Matches 1489; Conservative 0; Mismatches 655; Indels 0; Gaps 0;

99 ATGGCAGACGCGACGCCGCTCCGCGAGCTTGATGAGGAGCAGTGAAGCCGTCATCATCAAG 158
1 ATGACGAGATGATCGATCGTTCACGCGCGCTTCCCAAACGTTAAGCCTATCGTCGACAG 60

159 GTGGGCACTGCACTGCTCTCCAGACAAAGATGAAAGATTGGCTTTGGCAGGGTTGAAGCT 218
61 GTTGGGACCTGCACTGCTTACTGTGGGAAAGGATGAGATGCTCTTGGACGTTAAGAGCT 120

219 CTGGGACAGAGGTTAAGAACTGAACCTCTTTAGATACGAGATTTTGGTCAACCTCA 278
121 ATCTGTGAACGCTTGGGAGTTAACTTCAGATGATTTAGGTCATTTTGTCTACT 180

279 GATGCTGTGGAGTGGGGCGACAGCGACTTGAAGTACCGGAAGCTTGCTAATAGACGCTT 338
181 GGTGCGGTGGTCTTGTGCGCAAAAGGCTTGATACAGACATTAAGTCAACAGAGTTT 240

339 GCTATCTGCAAAAGCCACAGATGAGATTGATGAAAGGCTTGGCGGCTGGTGTGACAG 398
241 GCAATTTTACGAAGGCCAATATGAACTTGATGGGAAGGCTTGTGCTGTTGGGCGAG 300

399 AGTGACTGATGAGCTCTTTAGATATGTTTAAACCACTGATGTCTGTCATCTCAA 458
301 AGCAGTCTCATGGCTTACTATAGACTATGTTTGAACAGTTGAGATGAGCGTGTGCTCAA 360

459 CTTCTGTGCAACCGACAGATGTTTGAGAACCCAAAGTTCGGGGAGCAACTCACTGAAGT 518
361 ATGCTTGTGACCGCATGAGAGTTTGAAGATPAGAGTTTCGAAAGCACTTAAGTGAAGT 420

519 GTTGAGTCAATTATGATCTTAAAGTTATACCAATATTTATGAAAAATGATGCATCAGC 578
421 GTCAAGGAGATGTGAGAGATGAGGTTATTCAGATTTTCAATGAGAAATGATGCTATAGC 480

579 ACTAGAAAGGCTCCATATGAGATTTCAATCTGATATTTTGGGATTAATGACAGTTTGA 638
481 ACTGCAAGGCCCCCTACAAAGGATTTCACTGATATTTTGGATTAATGACAGCTTAGCC 540

639 GCACTGTGTGCACTGGAACCTGAAGGCTATCTCTTATTCGCTCAAGTATGAGATGGG 698
541 GCTGTTCTGTGTGAGAGCTGAAGGCTGATCTTTTGAATCTTTCAAGTATGTTGAAGGCG 600

699 TTGATATGAGTCCACCAAGTGAACCATGATCAAAAATGATACACACTTATTTAAAGAA 758

Db 601 CTTTACATGCGCCCTCCAGTGAATTTACTTAAATTAATACCAATTCATTAAAGAA 660
 Qy 759 AAGCATGCAAGAAATCACTTTTGAGACAAATCTGCTGAGTAGAGAGCATGACA 818
 Db 661 AAACACGAGACGAGATTAATTTGGCGAAAGTCCAAATTAAGACAGAGGGGATGACT 720
 Qy 819 GCAAAAGTAGAGCTGCTGCTTCTTCAATAGCGGACACCTGAGTTATTAACAAGT 878
 Db 721 GCAAAAGTTAAAGCTGCTGCTTCAATAGCGGACACCTGAGTTATTAACAAGT 780
 Qy 879 GGGTTGAAAATCGAGCATCTTAAAGTCTCATGAGGAAAAAATTTGACTCTCTT 938
 Db 781 GGAATGACGCTGAGAAATTAAGTAAGTCTTGAAGGACCTGCTGTTGATACCTGCTTC 840
 Qy 939 CACAGAAATGCGAATTTGTGGGAATCATCTAAGATGTTAGTACTCTGAGATGCTGTT 998
 Db 841 CATCAAGATGCTCATTTATGAGGCTCCGGTCGTAGATCTACTCTCTGTCATGACAGT 900
 Qy 999 GCCCGAAGAGATTGTTCAAGGATCTACAGAAATTTGTCATCAGAGAGACGAAAAAGATA 1058
 Db 901 GCTGTAAGGAAAGCTCAAGAAAGTTGAGGCTTATCTTGAAGATAGAAACAATTT 960
 Qy 1059 TTGCTAGATGTTGAGATGCTTTGAGGCAATGAGATTTAATPAAGTCTGAGATGAA 1118
 Db 961 CTACACGACATTTGCCAATGCCCTTGAAGTAATGAGAAACAATTTAAGCTGAGAAATGAT 1020
 Qy 1119 GCTGATGATGCTGCGGCCCAAGTTGCTGATATGAGAGCTTGTGTTGCTAGATGACT 1178
 Db 1021 TTGATGTTGCTGACGACCAAGAAAGCTGATATGAGAGCTTGTGTTGCTAGATGACT 1080
 Qy 1179 ATAAACGAGAAAGATAGCAAGCTTGAATCTTATCTGACCTTGAATATGAA 1238
 Db 1081 ATGAGCCTGGGAAATCTCAAGCTTGCAGCTTCCGTTCCAGCTGAGCCGAAATGAA 1140
 Qy 1239 GACCTATTAACGAGATCTTAAAGACAGAGTGTGCTGATTTAGTCTTGAAGAA 1298
 Db 1141 GATCCAAATGCGCGGTATTAAGAAACCTCAGGTGCAATGATCTTATTTAGAGAG 1200
 Qy 1299 ACATCTGCGCATGAGTGTCTCTTAAATGTTTGTAGTCCCACTGATGCTTGGT 1358
 Db 1201 ACCTATCAACCAATGAGTGTCTTGAATGTTTGTAGTCCCGCTGATGCACTTGT 1260
 Qy 1359 CAGATGCACTTTGGCAATGAGAGGTGTAATGCTTCTCTTAAAGGTGAGAAAGAA 1418
 Db 1261 CAGATATCTTCCCTGCAATCGAGAGTGAATGCTTCTGCTGAGAGGTGAGAAAGAG 1320
 Qy 1419 GCTATCAATCAACAGATTTGATAGAGTTAATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1478
 Db 1321 GCTGCTGATCAAAATGCTATCTTACACAGGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1380
 Qy 1479 GGTGAAAACTTATGCTGCTGTTTCAACTAGAGATGATGATGATGATGATGATGAT 1538
 Db 1381 GAGAGGAACTCATGAGCTTGTGACCTCAAGAGAGAGATCTGATTTCTCAAGCTT 1440
 Qy 1539 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1598
 Db 1441 GATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1500
 Qy 1599 GGTCACTAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1658
 Db 1501 AACTGAGAGAAATCCAGTGTGAGGCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1560
 Qy 1659 AATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1718
 Db 1561 AAGTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1620
 Qy 1719 GAGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1778
 Db 1621 GAGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1680
 Qy 1779 CTTGACGACATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1838

Db 1681 CTCGATGATCTTATTTATGTTCTGCAACCAAGGCGTCACTTGTATGTTGGCCAGA 1740
 Qy 1839 GCGCAAAAGCTCTGGGATTTCCAAAAGCTGTTTATTTATCATGATGATGATGATGATG 1898
 Db 1741 GCAAGTGCAAAACCTAATATTCGGAACCAAAATCATTTTCAACAGAGATGATGATGATG 1800
 Qy 1899 GCTGACATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1958
 Db 1801 GCTGACATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1860
 Qy 1959 GGAAGTCTCATCAAGATTTGATGCTCACTACAGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2018
 Db 1861 GGAAGTGCACACATGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1920
 Qy 2019 CCGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2078
 Db 1921 CCGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1980
 Qy 2079 CGTTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2138
 Db 1981 AGGTGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2040
 Qy 2139 GTGGGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2198
 Db 2041 GTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2100
 Qy 2199 AATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2242
 Db 2101 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2144

RESULT 9
 US-09-938-842A-1391
 ; Sequence 1391, Application US/09938842A
 ; Patent No. US20020160378A1
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Harper, Jeff
 ; APPLICANT: Krepes, Joel
 ; APPLICANT: Wang, Xun
 ; APPLICANT: Zhu, Tong
 ; TITLE OF INVENTION: STRESS-REGULATED GENES OF PLANTS, TRANSGENIC PLANTS CONTAINING
 ; TITLE OF INVENTION: SAME, AND METHODS OF USE
 ; FILE REFERENCE: S01P1300-3
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/938, 842A
 ; CURRENT FILING DATE: 2001-08-24
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/227, 866
 ; PRIOR FILING DATE: 2000-08-24
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/264, 647
 ; PRIOR FILING DATE: 2001-01-16
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/300, 111
 ; PRIOR FILING DATE: 2001-06-22
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 5379
 ; SEQ ID NO 1391
 ; LENGTH: 2154
 ; TYPE: DNA
 ; ORGANISM: Arabidopsis thaliana
 US-09-938-842A-1391

Query Match 42.6%; Score 1085.6; DB 9; Length 2154;
 Best Local Similarity 69.1%; Pred. No. 2,1e-293;
 Matches 1484; Conservative 0; Mismatches 664; Indels 0; Gaps 0;

Qy 99 ATGGCGAGGCTGACCGCTCCCGAGCTTCTGAGGAGAGTGAAGCGCTCATCATCAAG 158
 Db 1 ATGGAGAGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 60
 Qy 159 GTGGGCACTGAGCTTCTTCCAGACAAATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 218
 Db 61 GTTGGGCACTGAGCTTCTTCCAGACAAATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 120
 Qy 219 CTGATGAGAGGCTTGAAGAACTGAATCTTTAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 278
 Db 121 CTGATGAGAGGCTTGGGAAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 180

279 GGTGCTGTGAGTGGGGGACAGAGCACTAGTACCGGAAAGCTTGTCAATAGACCTTT 338
181 GGTGGCGTGTGCTTGGGACAGGCAAAAGCTTGTATGACATATGATCAATAGACGCTTT 240
339 GGTGATCTGCAAAAGCCAGATGAGTATGAGTGAAGAGCTTGGCGCTGTGGTGTAG 398
241 GGGGATCTGCAAGAGCTGAGACTGATGTGAGGAGGCTTGGCTGTGGTGTAGCA 300
399 AGTGAAGTATGAGCTTGTACGATATGTTGTTAAACAATGATGTCTGTCACTTCA 458
301 AGAGCTTATGCTTACTACTATGAGACTATGTTGACAGCTTGTATGATGACGAGCTCA 360
459 CTCTTGTCAACGACAGTATTTGAGAACCAAGTTCCGGAGCACTCACTGAATCT 518
361 CTCTGTGTATGACAGTATTTGAGCAAGATTTCAAGAACCACTTATATGAATCT 420
519 GTTGAATCATTTATGATCTTAAAGTTATACCAATTTTAAATGAATGATGCCATCAG 578
421 GTCAATCTATGCTTATGATTTGAGGGTATTCATTTTCAATGAGAAATGATGCTATAG 480
579 ACTGAAAGGCTTCATATGAGATTCATGTGATATTTCTGGATATATGACATTTAGCA 638
481 ACCCGAAGGCCCATATCAGATTTCTGTGATTTCTGGATATGATGATAGCTTACCT 540
639 GAGCTGTGGCACTGGAAGCTGATATCTCTATCTGCTGATGATGTGATGAG 698
541 GCTCTTCTGCGCTTGAAGCTGAAAGCTGATCTTCTGATTTCTTGAAGAGCTTGAAGT 600
699 TTGTATAGTGTGTCACCAAGTGAACCATCATCAAAATATCAACACTTATATTAAGA 758
601 CTTTACACAGGCTTCAAGTATCTTCACTCAAGTATGATCAACATTTGTTAAAGA 660
759 AAGCATCAGCAAGAAATCACTTTGAGCAAAATCTGCTGTGATGATGAGAGGCACTCA 818
661 AAGCATCAGCAAGAAATCACTTTGAGCAAAATCTGCTGTGATGATGAGAGGCACTCA 720
819 GCAAAAGTGAAGCTGCTGTCTTGTGCTTCAATAGGCGCACTGTGTTATTAACAAGT 878
721 GCAAAAGTGAAGCTGCTGTCTTGTGCTTCAATAGGCGCACTGTGTTATTAACAAGT 780
879 GGGTGTGAAGTGAAGCACTTTTAAGTCTTCAATGAGGAAATTTGTATCTCTTT 938
781 GGGTATTCAGTGAAGCACTTTTAAGTCTTCAATGAGGAAATTTGTATCTCTTT 840
939 CACAAGATGCGAATTTGTGAGATCATCTAAGATGATGATCTGATGATGCTGTT 998
841 CATCAAGATGCTGTTATGAGCTCCGATCAGATTTCAATGATGCTGATGATGCTGTT 900
999 GCGGCAAGATGCTGTTCAAGGCACTTCAAGATTTGTCTCAAGAGAAAGAAAGATA 1058
901 GCTGCGAGGGAAGTTCAGAAAGCTTCAAGGCTTCTTCTGGAAGAAAGAAAGATA 960
1059 TTGCTGATGTTGCAAGTCTTGTGAGGCAAAATGAGATTTAATAAGTCTGAGATGTA 1118
961 CTGCTGATATTTGCGATGCTTGAAGCAAAATGATTTCAATCAAACTGAGATGAG 1020
1119 GCTGATGATGCTGCGGCGCAAGTGTGATGATGAGAGCTTGTGCTGATGATGAT 1178
1021 TTGATGATGATGCTTGTGCAAGAGGCTGAGTGTGAGAGATGATGATGCTGCTGAT 1080
1179 ATAAAGCAGAGAAAGATGAGAGCTTGAAGAAATCTATTCATGCTGCTGCAATATGAA 1238
1081 ATGACACTTGAAGAAATGATGAGAGCTTGAAGCTTCAAGTCTGATGATGATGAGAA 1140
1239 GACCTATTAACAGATTAATTAAGAAAGAGAGTGTGATGATTTAGTCTTGAAGAA 1298
1141 GATCAATGAGCGCTGTTTAAAGAAAGAGAGTGTGATGATTTAGTCTTGAAGAA 1200
1299 AATCTTGGCCATTAAGGCTTCTTATGATTTTGAAGCCGAGCTGATGCTGCTGTT 1358
1201 ACCCATACACATTAAGGCTTCTGATGATTTTGAATCCGAGCTGATGATGATGAT 1260

1359 CAGATTCATCTTTGGCAATTCGAAGTGTATGCTTCTTCTTAAAGTGAAGAAAGA 1418
1261 CAGATTCATCTTTGGCAATTCGAAGTGTATGCTTCTTCTTAAAGTGAAGAAAGA 1320
1419 GCTATCAGATCAACAGATTAATTCATTAAGTATTAATGATGATTTCTGATATGTT 1478
1321 GCGCGGATCAAAATGCTATCTTACAGAGAGATCACTGATGATTTCTGAGAGCTGTT 1380
1479 GGTGAAGAAATTAATGCTTGTATACATTAAGATGATGATGATGATTTCTGATATGTT 1538
1381 GGGGCTTAACTCATGAGCTTGTGATCTTCAAGAGAGATTTCTGATGATTTCTGAT 1440
1539 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1598
1441 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1500
1599 GCGTCAACTAAGATTCCTGTTCTGTTGGGCACTGATGATGATGATGATGATGATGAT 1658
1501 AATGATCAAAATCCCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1560
1659 AATGATCAAAATCCCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1718
1561 AAGCTTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1620
1719 GCAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1778
1621 GCAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1680
1779 CTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1838
1681 CTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1740
1839 GCGGCAAAAGCTTGGGATTTCCAAAGCTGTTTCAATTCATGATGATGATGATGATGAT 1898
1741 GCAAGTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1800
1899 GCTGCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1958
1801 GCTGCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1860
1959 GGAAGTCTCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2018
1861 GGAAGTCTCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1920
2019 GCGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2078
1921 GCGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1980
2079 GGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2138
1981 GGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2040
2139 GTGGGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2198
2041 GTGGGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2100
2199 AATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2246
2101 GACGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2148

RESULT 10
US-09-938-842A-1391
; Sequence 1391, Application US/09938842A
; Publication No US20040009476A9
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Harper, Jeff
; APPLICANT: Kreps, Joel
; APPLICANT: Wang, Xun
; APPLICANT: Zhu, Tong
; TITLE OF INVENTION: STRESS-REGULATED GENES OF PLANTS, TRANSGENIC PLANTS CONTAINING
; TITLE OF INVENTION: SAME, AND METHODS OF USE
; FILE REFERENCE: SRIPI300-3

CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/538,842A
 CURRENT FILING DATE: 2001-08-24
 PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/227,866
 PRIOR FILING DATE: 2000-08-24
 PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/264,647
 PRIOR FILING DATE: 2001-01-16
 PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/300,111
 PRIOR FILING DATE: 2001-06-22
 NUMBER OF SEQ ID NOS: 5379
 SEQ ID NO: 1391
 LENGTH: 2154
 TYPE: DNA
 ORGANISM: Arabidopsis thaliana
 US-09-538-842A-1391

Query Match 42.6%; Score 1085.6; DB 11; Length 2154;
 Best Local Similarity 69.1%; Pred. No. 2,1e-293;
 Matches 1484; Conservative 0; Mismatches 664; Indels 0; Gaps 0;

99 ATGGGAGCCGTCGACCCCTCCCGAGCTTCGTGAGGACGTGAGCGGCTCATCATCAAG 158
 1 ATGGAGAGCTAGATCGTTCACTGCTTTCCAGAGCTCAACCTATGCTGTTAG 60
 159 GTGGGACCTGAGCTGCTCCAGACAGATGAGAAATGCTTGGGAGGCTGAGCT 218
 61 GTTGGAGACAGAGTTGTTACTGAGAAAGGTGAGGATGGCTTGGCTTTAGAGCA 120
 219 CTGTGCGAGCAGGTTAAGAACTGAATCTTTAGATACAGAGATTTGTCACTCA 278
 121 CTGTGTGAACAGCTTGGAGAAATTAACCTGGATGATTTAGGATTTGTCTACT 180
 279 GGTGCTGTGAGAGTGGGCGACAGAGCACTTAGTACCGGAGCTTGTCAATAGAGCTT 338
 181 GGTGGGTTGTCTTGGAGGCAAGAGGCTTGTGATGACATTAAGTCAATAGAGCTT 240
 339 GCTGATCTGCAAAAGCCACAGATGAGTTAGTGAAGAAAGCTTGTGCGCTTGTGCTAG 398
 241 GCGGATCTTCAGAAAGCTCAGACCTGATGAGGAGGCTTGTGCTGTTGAGCAAA 300
 399 AGTGAACGATGAGCTCTTTAGATATGTTGTTAAACCACTGAGATGCTGCTCACTCA 458
 301 AGCACTCTTAATGCTTACTATGAGCTATGTTGACAGCTTGTGAGAGGAGCTCA 360
 459 CTTCCTTCAACGACAGTATTTTGAAGAACCAAGTTCGGGAGCAACTCACTGAACT 518
 361 CTTCGAGATGACAGATGATTTTGAAGCAAGAGTTTCAGAAAGCACTTAATGAACT 420
 519 GTTGTGCTATTTAGATCTTAATGATTAACCAATTTTAAAGTAAAGTCCATGAGC 578
 421 GTCAAGCTCTATGCTTGAATTTGAGGTTATTCMAATTTTCAATGAGATGATGCTATTAGC 480
 579 ACTTAAAGAGCTCATATGAGGATCATCTGATATTTCTGGATTAATGACATTTTGA 638
 481 ACCCGAAGAGCCCATATCAAGATCTTCTGATATTTCTGGATTAATGAGTATGAGT 540
 639 GAGCTGTGGCAGCTGAAGCTGAATCTCTTATTTCTGCTGATGATGAGTGGG 698
 541 GCTCTACTGCTGCTGAGAACTGAAAGCTATCTTCGATTTCTTGAAGAGATGTTGAAGT 600
 699 TTGTATGATGCTCAACCAAGTGAACCATCATCAAAATCATACACTTATTAATTAAGAA 758
 601 CTTTACACAGGCTCTCAAGTATCTTAATCTTAAGTGAATTCACACTTTTGTTAAGAA 660
 759 AAGCATCAGCAAGAAATCACTTTGAGACAAATCTGCTGATGAGTGAAGAGCATGACA 818
 661 AATCACTAAGATGATGATTAATTCGGGCAAAATCAAGATTAGGAGAGGAGGATGACT 720
 819 GGAAGAGTGAAGCTGCTGCTTGGCTTCAATAGGAGCAACCTGCTGATTAATTAAGT 878
 721 GGAAGAGTGAAGCTGCTGCTTGGCTTCAATAGGAGTGAAGTCTGCTGATTAATTAAGT 780
 879 GGGTTGAAGAAATCGAGCATCTTAAAGTTCTTCAAGGAGAAATTAATGATGATCTCTTT 938

840 781 GGGTATTCAGCTGAGACATGATTAAGTCTCAGAGGACATGCTGTTGAACCTTTT 840
 998 939 CACAAAGATGCAATTTTGGGATCATCTAAGATGTTAGTCTGCTGAGATGGCTTT 998
 900 841 CATCAAGATGCTCTTATGAGGCTCCGATCAAGATTTAATGCTGCTGAGATGGCACTT 900
 1058 999 GCGGAGAGATTTGTTCAAGGATCTAAGCAATTTGTCATGAGAGAGAGAGAGATA 1058
 960 901 GCTGAGAGAGAGAGATTCAGAGAGAGCTTACAGGCTTATCTTGGAGAGAGAGAGATA 960
 1118 1059 TTGTAGATGTTGAGATGCTTTGAGGCAATGAGATTTAATTAAGTCTGAGATGAA 1118
 1020 961 CTGCTTATATTCAGAGATGCTTTGAGAGCAATGTTAATCAATCAAGCTGAGATGAG 1020
 1178 1119 GGTATGATGCTGCGCCCAAGTCTGATGATGAGAGAGCTTTGATGATGATGATGAT 1178
 1080 1021 TTAGATGATGCTTTCAGACAGAGAGCTGGTGGAGAGTCAATGCTGCTGATGAT 1080
 1238 1179 ATTAAGCAGAGAGATGAGAGCTTTCAGAGAGCTTTCAGAGAGCTTTCAGAGAG 1238
 1140 1081 ATGACACCTGAGAGAGATTCAGAGCTTTCAGAGCTTTCAGAGCTTTCAGAGATGAG 1140
 1298 1239 GACCTTAAACCAATCTTAAAGAGAGAGCTTTCAGAGATGATGATGATGATGATG 1298
 1200 1141 GATCAATGAGGCTGCTTAAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1200
 1358 1299 ACATCTGCTCAATGAGATGCTTCTTAAATGTTTGAAGCTTTCAGAGCTTTCAGAG 1358
 1260 1201 ACTCATCACTTATGAGGCTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1260
 1418 1359 CAGATGATCTTTGAGCAATTCAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1418
 1320 1261 CAGATGATCTTCACTTCCAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1320
 1478 1419 GGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1478
 1380 1321 GCGGAG 1380
 1440 1381 GGGGAG 1440
 1598 1539 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1598
 1500 1441 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1500
 1658 1599 GGTCACTAAGATGCTTCTTGGGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1658
 1560 1501 AATCACTAAG 1560
 1718 1659 AATCACTAAG 1718
 1620 1561 AAGGCTTGAATGAG 1620
 1778 1719 GAGAGCTGAG 1778
 1680 1621 GAGAGCTGAG 1680
 1838 1779 CTGAGAGATGAG 1838
 1740 1681 CTGAGAGATGAG 1740
 1898 1839 GCGGAG 1898
 1800 1741 GCAAGTGAAG 1800
 1958 1899 GCTGAG 1958
 1860 1801 GCTGAG 1860
 2018 1959 GGAAGGCTCAATGAG 2018
 1920 1861 GGAAGGCTCAATGAG 1920

Db	1267	CAGATAGCTTCACTTGGCATCCGATAGTGAATAGTCTTCTGCGAAGCGGTGGAAAGAG	1426
Qy	1419	GCTATCGATGTAACAGCATTTGGCATTAAGTTTAACTATGCTATTTCTCTGTAATGT	1478
Db	1427	GCCCGGGGATCAATATGCTATCTTTCACAGAGTGAATCTGATGCAATTTCCAGACCTGT	1486
Qy	1479	GATGAAAACTTAATGCGCTTGTTACACTTGAGTAGATCGAGATTGCGAATTTGCTAAAGCT	1538
Db	1487	GGGGGTAAACTCATTTGACTTGTGACTTCAGAGAAAGAGATTCTGATTTTCTTAAGCTT	1546
Qy	1539	GATGATGTCATGTAATCTTGTCACTCCAGAGAGATTAAGCTTGTCTCCAAATCAAG	1598
Db	1547	GATGACGTTATCGATCTTGTGATATCCAAAGAGAGCAACAGCTTGTATTCTCAATAAA	1606
Qy	1599	GCGTCAACTAAGATTCTCGTTCTTGGGATGCTGATGATATATGCAAGTATATTTGAC	1658
Db	1607	AATACTACAAATAATCCCTGTGCTAGGTCAATCTGATGAAATCTGTCAATGATATGTGAC	1666
Qy	1659	AAATACGCTGACATGAGATATGGCAAACTTATTTGAAATGATGAGTGAAGAAAACGATTACCA	1718
Db	1667	AAGGTTTGTGATACGGAATATGGCAAGCGCATGTTTCTGATCGAAATGTGACTATAC	1726
Qy	1719	GCAGCTTGCAATGCATGATGAGAAGCTTACTAGTTCATAAGATCTTATGAAGATGCCAGC	1778
Db	1727	GCAGCTTATATGCGATGAAACCTTCTTGTGCTAAAGATCTTAGAGCAAAATGCTGTG	1786
Qy	1779	CTTGACGCATATTAAGTAGCACTAAAAAGAGAGTTATPATTAATGGTGAAGCTATT	1838
Db	1787	CTTAATGAGCTTATTTTGTCTGTGAGAGCAATGAGTCACTTGTATATGTGTGACCAAG	1846
Qy	1839	GCGCAAAAGCTGTGGATTTCCAAAGCTGTTCAATTCATGATGATATAGTTCTATG	1898
Db	1847	GCAAGTAAGATACGTAACATACCGAAGCAAGGTCATTTCAACCAATGATATCTGTGCCAAG	1906
Qy	1899	GCGTCACTGTTGAGTTGTTGATGATGTCATCAGCAATTTGACCAATTCATGCTAT	1958
Db	1907	GCTTGCACTGTTGAAGTTGTGAAGAAGCTTTATGTGTCTATAGATCAATTCACGACAT	1966
Qy	1959	GGAATGCTCATACAGATTGATCGTCACTACAGTATTAAGTATGACAGACATTTTCTA	2018
Db	1967	GGAATGTGACACACAGACTGCATTGTGACAGAGATCCAGAAATTGCAAGACTATTTCTT	2026
Qy	2019	GCGAGATGTATAGTGTGCTGTGATATTCATATGCAAGATAGAGATTTCTGTATGGGCT	2078
Db	2027	GCGCAAGTGAATAGGCTGTGTGTTTCCACAACGCGACACAAAGATTTCTCATGATGTTTC	2086
Qy	2079	GCTTTGGAATTGGGTGCTGAGTTTGGCATTAAGCAAGGCGGTATCAATGCCCGTGAACA	2138
Db	2087	CGATTTGACATTGTGTGACAGAGGTGGGGGTAAAGACGGGAGGATCAATGCTGTGTGATCA	2146
Qy	2139	GTTGGTGTGAAGTCTCTTAATCTACAGATGATCTTGCGAGACGTTGGGCACTGTG	2198
Db	2147	GTCGGGGTGCAGATTAATCTTCAACGAGATGATTAATGAGGAGAAAGCAAAATGTTTC	2206
Qy	2199	AATGTGTCAAGAGATGTGTGTACACCCATTAAGATCTTCTTTGCCAA	2246
Db	2207	GACGAGACAAATGAATGTGTTTACACCCATCGAGACATTTCCATCCAA	2254

RESULT 12
US-10-260-238-466
Sequence 466, Application US/10260238
Publication No. US20040016025A1
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Budworth, Paul R.
APPLICANT: Mounghamer, Todd G.
APPLICANT: Briggs, Steven P.
APPLICANT: Cooper, Bret
APPLICANT: Glazebrook, Jane
APPLICANT: Goff, Stephen A.
APPLICANT: Katsaglit, Fumiyuki
APPLICANT: Krepes, Joel
APPLICANT: Provatt, Nicholas

	APPLICANT:	Ricke, Darrell	
	TITLE OF INVENTION:	PROMOTERS FOR REGULATION OF PLANT EXPRESSION	
	FILE REFERENCE:	60111-NP	
	CURRENT APPLICATION NUMBER:	US/10/260,238	
	PRIOR FILING DATE:	2002-09-26	
	PRIOR APPLICATION NUMBER:	US 60/325,448	
	PRIOR FILING DATE:	2001-09-26	
	PRIOR APPLICATION NUMBER:	US 60/325,277	
	PRIOR FILING DATE:	2001-09-26	
	PRIOR APPLICATION NUMBER:	US 60/370,620	
	PRIOR FILING DATE:	2002-04-04	
	NUMBER OF SEQ ID NOS:	6077	
	SEQ ID NO 466		
	LENGTH:	2214	
	TYPE:	DNA	
	ORGANISM:	Oryza sativa	
		US-10-260-238-466	
	Query Match	42.4%; Score 1079.6; DB 15; Length 2214;	
	Best Local Similarity	73.5%; Pred. No. 1.1e-291;	
	Matches 1627; Conservative	0; Mismatches 474; Indels 113; Gaps	15;
QY	96	GCCATGGCAGGTGACCCCTCCCAGACTTCGTGAAGGAAAGCGGCANTGNC	155
DB	55	GACGTGGAGAACCAGCATCCACCCGGCTTGTCAAGACGTGAAGGCATCATC	114
QY	156	A-----AGGTGGCACTGCAGTTGTCTCCAGACAANAATGAAGATTGGCTTG	203
DB	115	MAATTATTCACAGATGGCACCGCTTTGTATCTGGCGCAATGGCCGGTTGGCTATG	174
QY	204	GCGAGGTTGAGCTCTGTGCGAAGGTTAAGSAACTGAACCTTTAGATTCGAAGT	263
DB	175	GCGAGCTCGGTCTGTGTGAAG-----CTAAATTTGAGGGGTACGAGGTG	225
QY	264	ATTTGGTACCTCAGAGTGCTTTGGAGTGGGGCGACAGCACTTAGTACCGSAGCTT	323
DB	226	ATTCTGTACCTCTGT	285
QY	324	GTCATATAGC-----AGCTTGTGATCTTGCAAAAGCCAAGATGAGTTAAG	370
DB	286	GTCATATAGAGTTGACAGAGAGTTTGCATCTGCATAAACCCAAGATGACATGA	345
QY	371	TGGAAGGCTTGGCCGCTTGTGTGAGAGTGAATGAGCTTTAGATATGTGTT	430
DB	346	CGGGAAGGCTTGGCCGCTTGTGTGAGAGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT	405
QY	431	TA---ACCACTGATGTCTGTCTCATCTTCACTTCTTGTCAACGACAGTATTTGAA	487
DB	406	TACCGACAGCTTGAAGTAACTATCTCACTTCTTGTTAACGATGTATTTATGA	465
QY	488	CCCAAAGTCCGGAGCACTCATCGAAACGTGTGATCATATATATGATCTTAAATAT	547
DB	466	TCCAAATTTTGGAAACAGCTCCCGGACAGCTTAAATCTCTGTATATTCAGGTAT	525
QY	548	ACCAATATTTAATGAAGATGATGCCATGAGCATAGAAAAGCTCCATATGAGATTATC	607
DB	526	ACCAATATTTAATGAGATGAGCCATAGTACAGAGAGCAACATACAGAGATTATC	585
QY	608	TGGTATATTTGGGATATGACATTAGCAGACCTGTGGACATGGAATGAAAGCTGA	667
DB	586	TGGCATATTTGGGATATGACATTAGTGGCCAGCTGTGACGCAAACTTAAAGCTGA	645
QY	668	TTCCTTATTTGCTCAGATGATGAGATGAGGTGTGATATGATGTCTCAACAAGTAAACATC	727
DB	646	TTCCTTATTTGCTCAGATGATGAGATGAGGTGTGATATGATGTCTCAACAAGTAAACATC	705
QY	728	ATCAAAATCATACACCTTATTTAAAGAAAGATCAGCAAAATCATCTTTGAGAT	787
DB	706	ATCGAAGATTTATCACAATAGCTCATGAAACAATGGAAGTTATTTGCTTTGGGGA	765
QY	788	CAATCTCTGTATGATGAGAGGATGACGAAAGTGAAGGCTGCTCTTGCTTC	847

Db 766 GAAATTCCTGTTGGAGAGGTGGAATGGAAGCTAAAGTACGCTTTTACTGCTTC 825
 Qy 848 AATATCCGACACACCTGTTGTTATTAAC--AAGTGGGTTTGAATAATCGAGCATTTCTTAA 905
 Db 826 ATCAAAAGGAATACCTGTTGTAATGCCAGAGTGGATTGGCAATGATGATTAATTAAG 885
 Qy 906 GTTCTTCATGGGGGAAAAATTTGGTACTCTCTTCAAGAAATGCGAATTTGGGGAAATCA 965
 Db 886 GTATGCGAGAGAGAAAAATCGTACGCTTTTCATAGGAGCAACAGTGGGGTGT 945
 Qy 966 TCTAAGATGTTAGTACTGTTGAGATGAGTGTGCGGCAAGATTTGTTCAAGGATCTA 1025
 Db 946 TCCAAAGGAAGCAACAGCGGTGAGATGCGGTTGCGAAAGATTTGGTCCAGATCTA 1005
 Qy 1026 ---CAGATTTGTCATCAGAGCAAGAAAAAGATTTGCTGAGATTTGGAGATGCTTGG 1082
 Db 1006 CAGCAAAAATTTGCTGAGAGCGGTAAAGAAATTTGCTGAGATGCGGATCTCTA 1065
 Qy 1083 GAGCAAAATGAGATTTAATTAAGATGAGTGTGAGATGAGTGTGCGGCGCAAGTT 1142
 Db 1066 GAGCAAAATGAGATTTAATTAAGATGAGTGTGAGATGAGTGTGCGGCGCAAGTT 1125
 Qy 1143 GCTGATATGAGAGGCTTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 1202
 Db 1126 ATGTTTACGATTAATCATTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 1183
 Qy 1203 CTGCAAAATCTAATGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 1262
 Db 1184 CTGCAAGATCAATTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 1243
 Qy 1263 AAGACAGAGTTGCTGATGATTTAGTCTTGAGAAAAATCTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 1322
 Db 1244 AGAACAGAG-----CAATGGGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 1267
 Qy 1323 TTAATGTTTGAAGTCCGACCTGATGCTT-----GTTTCAAGTTGCAATCTTTGGA 1376
 Db 1268 CTATTAATTTTGAAGTCCGACCTGATGCTTGAAGTCAAGTCTTGAAGTCAATCTTTGGA 1327
 Qy 1377 ATTCGAAGTGAATGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 1436
 Db 1328 ATCCGAAGTGAATGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 1387
 Qy 1437 ATATGATTA-----GTTTAACTGATGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 1488
 Db 1388 ATATGATTA-----GTTTAACTGATGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 1447
 Qy 1489 TTAATGCTTTGTTTAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1548
 Db 1448 TTAATGCTTTGTTTAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1507
 Qy 1549 TTAATGCTTTGTTTAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1608
 Db 1508 TTAATGCTTTGTTTAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1567
 Qy 1609 AGATTCCTGTTTAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1667
 Db 1568 AGATTCCTGTTTAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1627
 Qy 1668 GACATGATATGCAAAATCTTATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1727
 Db 1628 GACATGATATGCAAAATCTTATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1687
 Qy 1728 AATGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1787
 Db 1688 AATGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1747
 Qy 1748 ATATTAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGA 1807
 Db 1748 ATATTAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGA 1807
 Qy 1847 AGCTCTGGAATTTTCAAAAGTCTTTTCAATTTCAATTTCAATTTCAATTTCAATTTCAATTT 1906
 Db 1808 CACTTGAATCAAAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGA 1867

Qy 1907 TGTGAGTTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1961
 Db 1868 CTTGATATTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1927
 Qy 1962 ---AGTCTCATACAGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2018
 Db 1928 TTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1987
 Qy 2019 CGCAGATGAT--AGTCTGCTGATTTTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2076
 Db 1988 CAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2047
 Qy 2077 CTGTTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2136
 Db 2048 CTGCTTTGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2107
 Qy 2137 CAGTGGGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2196
 Db 2108 CTGTTGCGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2160
 Qy 2197 TGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2250
 Db 2161 TGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2214

RESULT 13
 US-10-424-599-44242
 ; Sequence 44242, Application US/10424599
 ; Publication NO. US20040031072A1
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: La Rosa Thomas J
 ; APPLICANT: Kovalic David K
 ; APPLICANT: Zhou Yihua
 ; APPLICANT: Cao Yongwei
 ; TITLE OF INVENTION: Soy Nucleic Acid Molecules and Other Molecules Associated With
 ; TITLE OF INVENTION: Plants and Uses Thereof for Plant Improvement
 ; FILE REFERENCE: 38-21(53223)B
 ; CURRENT FILING DATE: 2003-04-28
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 285684
 ; SEQ ID NO 44242
 ; LENGTH: 2499
 ; TYPE: DNA
 ; ORGANISM: Glycine max
 ; FEATURE:
 ; OTHER INFORMATION: Clone ID: PAT_MRT3847_13949C.1
 US-10-424-599-44242

Query Match 42.2%; Score 1076.8; DB 12; Length 2499;
 Best Local Similarity 69.7%; Pred. No. 7.1e-291; Indels 45; Gaps 2;
 Matches 1509; Conservative 0; Mismatches 612;

Qy 99 ATGCGAGCGTGAACCCGTCGAGCTTGTGAGGAGCTGAAGCGGTCATCATCAAG 158
 Db 59 ATGAGAAACAGATCTCTTGAACATTTTCTCAAGATTTTAAAGCATATCAAG 118
 Qy 159 GTGGCACTGAGATGTTGCTCAAGCAAGATGAAGATTGCTTTGGCAGGTTGAGCT 218
 Db 119 GTGGCACTGAGATGTTGCTCAAGCAAGATGAAGATTGCTTTGGGAAATTAAGGGCA 178
 Qy 219 CTGTGAGCAGGTTAAGAACTGAACCTTTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 278
 Db 179 CTGTGAGCAGGTTAAGAACTGAACCTTTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 238
 Qy 279 GATGCTGTTGAGAGTGGGCGCAAGAGCTTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGA 338
 Db 229 GATGCTGTTGAGAGTGGGCGCAAGAGCTTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGA 298
 Qy 339 GCTGATCTGCAAAAGCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 398
 Db 229 GCTGATCTGCAAAAGCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 358

QY 399 AGTGCATGATGGCTTTTACATATGTTGTTAAACCACTGATGCTGCTCATCTCA 458
 DB 359 AACACCTTATGGCTTTTATGATGTTGTTTACTGAGTGGATGATGATGCTGCTCAG 418
 QY 459 CTTCTTGATCCGACGATGATTTGAGAACCCAAAGTCCGGAGCACTCACTGAACCT 518
 DB 419 CTTCTTGATCCGACGATGATTTGAGAACCCAAAGTCCGGAGCACTCACTGAACCT 478
 QY 519 GTTGAATCATTTATGATGCTTAAAGTATACCAATTTTAAATGAAATGATGCCATGAC 578
 DB 479 ATGAATCATTTGATGATTTAAAGTATATCCCATATTTCAACGAAAGATGACGATTAAT 538
 QY 579 ACTGAAGAGCTCCATATGAGATTCATGCTGATATTTCTGGAGATTAATGACATTTTGA 638
 DB 539 ACTGAAGAGCTCCATATGAGATTTCTTGGCATATTTTGGATTAATGACATTTTGA 598
 QY 639 GGAATGTTGACCTGAACTGAACTGAACTGATCTTATTTCTGATGATGATGATGAG 698
 DB 599 GCTTATTTGGCATTTGAAATTTAAAGCTGATCTTATTTTGGATGATGATGATGAG 658
 QY 699 TTGTAATGATGCTCCACCAAGTGAACCATCAACAAATATCACTATATTAATGA 758
 DB 659 CTTATATGAGCTCCACCAAGTGAACCATCAACAAATATCACTATATTAATGA 718
 QY 759 AAGCATCAAGCAAAATCACTTTTGAAGCAATCTGCTGATGATGAGAGGATGACA 818
 DB 719 AAGCATCAAGCAAAATCACTTTTGAAGCAATCTGCTGATGATGAGAGGATGACA 778
 QY 819 GCAAAAGTGAAGGCTGCTGCTTGGCTTCAATAGCGGCACTGCTGCTTATTAATCA 878
 DB 779 GCTAAAGTGAAGGCTTCAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 838
 QY 879 GGGTTGAAATATCGAGCATCTTAAAGTCTTAAAGTCTTAAAGTCTTAAAGTCTT 938
 DB 839 GGTATGAGCTGAAATATCAATTAAGTCTTAAAGTCTTAAAGTCTTAAAGTCTT 898
 QY 939 CACAAGATGCAATTTGAGGATCACTAAGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 998
 DB 899 CATAAGATGCAATTTGAGGATCACTAAGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 958
 QY 999 GCGGAGAGATTTGTTCAAGGATCACTAAGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1058
 DB 959 GCGGAGAGATTTGTTCAAGGATCACTAAGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1018
 QY 1059 TTGCTAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1118
 DB 1019 TTGCTAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1078
 QY 1119 GCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1178
 DB 1079 GCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1138
 QY 1179 ATTAACCAAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1238
 DB 1139 ATTAACCAAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1180
 QY 1239 GACCTATTAACCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1298
 DB 1181 GATCCATTAACCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1240
 QY 1299 AATCTTGGCCATTAAGTGTCTCTTAATTTTGAAGTCCGAGCTGATGCTTGGT 1358
 DB 1241 AATCTTGGCCATTAAGTGTCTCTTAATTTTGAAGTCCGAGCTGATGCTTGGT 1300
 QY 1359 CAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1418
 DB 1301 CAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1360
 QY 1419 GCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1478
 DB 1361 GCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1420
 QY 1479 GGTGAAAACTATTTGGCTTTTACACTAGATGATGATGATGATGATGATGAT 1538

DB 1421 GGTGAAAACTATTTGGCTTTTACACTAGATGATGATGATGATGATGATGAT 1480
 QY 1539 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1598
 DB 1481 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1540
 QY 1599 GCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1658
 DB 1541 GCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1600
 QY 1659 AATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1718
 DB 1601 AATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1660
 QY 1719 GCGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1778
 DB 1661 GCGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1720
 QY 1779 CTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1838
 DB 1721 CTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1780
 QY 1839 GCGGAGAGATTTGTTCAAGGATCACTAAGATGATGATGATGATGATGAT 1898
 DB 1781 GCGGAGAGATTTGTTCAAGGATCACTAAGATGATGATGATGATGATGAT 1840
 QY 1899 GCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1958
 DB 1841 GCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1900
 QY 1959 GGAAG-----TGCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1991
 DB 1901 GGAAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1960
 QY 1992 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2051
 DB 1961 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2020
 QY 2052 GCAAGTACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2111
 DB 2021 GCAAGTACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2080
 QY 2112 ACAAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2171
 DB 2081 ACAAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2140
 QY 2172 ATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2231
 DB 2141 ATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2200
 QY 2232 AGTCTT 2237
 DB 2201 GACCTT 2206

RESULT 14
 US-10-424-599-44248/c
 ; Sequence 44248, Application US/10424599
 ; Publication No. US20040031072A1
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: La Rosa Thomas J
 ; APPLICANT: Kovalic David K
 ; APPLICANT: Zhou Yihua
 ; TITLE OF INVENTION: Soy Nucleic Acid Molecules and Other Molecules Associated with
 ; FILE REFERENCE: 38-21(53223)B
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/424,599
 ; NUMBER OF SEQ. ID NOS: 285684
 ; SEQ ID NO 44248
 ; LENGTH: 2708

TYPE: DNA
 ORGANISM: Glycine max
 FEATURE:
 OTHER INFORMATION: Clone ID: PAT_MRT3847_139954C.1
 US-10-424-599-44248

Query Match 37.9%; Score 966.8; DB 12; Length 2708;
 Best Local Similarity 66.4%; Pred. No. 5.7e-260;
 Matches 1517; Conservative 0; Mismatches 617; Indels 150; Gaps 3;

96 GCCATGCGCAGCGTCGACCCGTCGCCGAGCTTCGTGAGGAGCGTGAAGCGCGTCATC 155
 Db GCCATGAGAACACAGATCTTGTAAGCACTTCTCAAGAGTGAAGGCAATCAATC 2574
 QY 156 AAGTGGGCACTGCACTGTTCTTCAGACAGAAATGGAAGTTGGCTTGGCGAGGTTGA 215
 Db 2573 AAGGTGGGCACTGCTGTGTGCTGCTGCGCAAGATGGAAGGTGAGTGGTGAATTAAGG 2514
 QY 216 GCTCTGCGAGCAGGTTAAGAACTGAACCTTTAGATGCAAGATGTTTGGTCAAC 275
 Db 2513 GCACCTGTGAGCAGATTAAGAGCTGATTCCTTGTTAGATTAATTTGGTGTCA 2454
 QY 276 TCAAGTGTGTTGAGTGGGCGCAGACGACCTTAGGTACCGAGCTTGTCAATGCAAC 335
 Db 2453 TCAAGTGTGTTGAGTGGGCGCAGACGACCTTAGGTACGAAATTAATTAACAGCAGC 2394
 QY 336 TTGCTGATCTGCAAAAGCAGATGAGTTAGTGAAGGCTTGTGCGCTGTGCT 395
 Db 2393 TTGCTGATCTTGAAGGCGCAGATGAGTTAGTGAAGGCTTGTGCTGTGCT 2334
 QY 396 CAGAGTGAAGTGAAGCTTTTACGATGTTGTTTAACTGATGATGCTGCTGCT 455
 Db 2333 CAAAGCAGCTTGAAGCTTTTATGATGTTTATGATGATGATGATGATGCTGCT 2274
 QY 456 CAACCTTCTTACCCGACAGATTTTGAAGAACCCAAAGTCCGAGAGAACTCACTGA 515
 Db 2273 CAACCTTCTTGAAGCAGATTTTGAAGAACCCAAAGTCCGAGAGAACTCACTGA 2214
 QY 516 ACCTGATGATCTTATGATCTTAAAGTTATCAATATTTATGAAATGATGCTATC 575
 Db 2213 ACCTGATGATCTTATGATCTTAAAGTTATCAATATTTATGAAATGATGCTATC 2154
 QY 576 AGCATTGAAGGCTCCTATGAGATTCATCTGATATTTCTGGATATATGACAGTTTA 635
 Db 2153 AGCATTGAAGGCTCCTATGAGATTTCTTGGATATTTGGATATATGACAGTTTA 2094
 QY 636 GAGAGCTGTGGCACTGGAAGTGAAGTGAATCTCTTATCTGCTCAGTGTGAT 695
 Db 2093 TCACTTATTTGGCATTTGAAATTAAGGCTGATCTTATTTTGTGATGATGATGAG 2034
 QY 696 GAGTGTATAGTGTGCAACCAAGTGAACATCATCAAAAATCACTATATTA 755
 Db 2033 GAGTGTATAGTGTGCAACCAAGTGAACATCATCAAAAATCACTATATTA 1974
 QY 756 GAAAGATCAGCAAGAAATCACTTTGAGACAAATCTGCTAGTGAAGGAGCATG 815
 Db 1973 GAAAGATCAGCAAGAAATCACTTTGAGACAAATCTGCTAGTGAAGGAGCATG 1914
 QY 816 ACAGCAAAAGTGAAGGCTGTCTTGGCTTCAAAATGCGCACACCTGTGTTATTA 875
 Db 1913 ACTCTAAAGTGAAGGCTGTCTTATCATGACGTGAAGGCTGCTGTATCATTA 1854
 QY 876 ----- 875
 Db 1853 AGAATTTAATTCAGAAACATGAAATTCATTTATGCTACCACTTTATGAG 1794
 QY 876 -----AGTGGTTGAAT 890
 Db 1793 ATTTCATCTGCAAAATGTTTCTTGTGCTGCAATTTAGTGTATGACGCT 1734
 QY 891 CGAGCAATTTGAAGTTCTTCAAGGAAATTTGTATCTCTTTCAAGAGTGG 950
 Db 1733 GAAATATCATTAAGTTCTCAAGACAAAGATGGAACCTCTTCAATTAAGTGA 1674

QY 951 AATTGTGGGATCATCTAAGATGTTAGTCTCGTGAATGCTGTGCGCGAAGAT 1010
 Db 1673 CATTAATGGGCCCCGGTAAAGAGTTGATGCTCGGATGAGTGCAGTTCAGTGAAGC 1614
 QY 1011 TGTCAAGGATCTACAGAAATTTGTCATGAGAGAAACGAAAGATATTTGCTAGATGT 1070
 Db 1613 TGTTCAGAGGCTTCAAGGCTTATCTTCAAGAGAGAGAAACAAATTTTGTGTAATA 1554
 QY 1071 GCAGATCTTTGAGGCAATGAGATTTAATAGTCTGAGAAATGAACTGATGATG 1130
 Db 1553 GCTGATGCTTGAAGCAATCAAAATGAGATCGAATGAAATGAACTGATGATG 1494
 QY 1131 GCGAGCCAAATGCTGATATGAGAACTTTGTTGTTAGATTTGAATTAACAGAGA 1190
 Db 1493 GATGCAAAAGACAGATATGAAATATCTGTTGTTGATGATGATGATGATGATG 1450
 QY 1191 AAGATGCAAGCTTGAAGAAATCTATTCGTACCTTGAAGATATGAGAACTTAAAC 1250
 Db 1449 -GCTTGAAGCTTGTGTAACAACTTGAAGATTTGCAAACTGAGAAATCAATGCT 1392
 QY 1251 CAGATATTAAGAAAGACAGAGTTGCTGATGATTTAGTCTTGAAGAAACATCTTGCCA 1310
 Db 1391 CAGATATTAAGAAAGACAGAGTTGCTGATGATTTAGTCTTGAAGAAACATCTTGCCA 1332
 QY 1311 TTAGTGTCTCTTAATTTGTTTGAATCCGACCTGATGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1370
 Db 1331 TTAGAGATCTTTAATTTGTTTGAATCCGACCTGATGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1272
 QY 1371 TTGCAATTTGAAGTGTATGCTTCTTCTTAAAGTGAAGAAAGATATCAGATCA 1430
 Db 1271 TTGCAATTTGAAGTGTATGCTTCTTCTTAAAGTGAAGAAAGATATCAGATCA 1212
 QY 1431 AACAGATTTGCAAGTGTATTAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1490
 Db 1211 AATGCAATTTGCAAGTGTATTAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1152
 QY 1491 ATTGCTGTTTACATTAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1550
 Db 1151 ATTGCTGTTTACATTAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1092
 QY 1551 GATCTGTCTCTCAAGAGAAATTAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1610
 Db 1091 GATCTGTCTCTCAAGAGAAATTAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1032
 QY 1611 ATTCTGTTTGGGCAATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1670
 Db 1031 ATTCTGTTTGGGCAATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 972
 QY 1671 ATGATATGGAAGAACTTATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1730
 Db 971 CTGAGATGGAAGGCGGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 912
 QY 1731 GCAATGGAAGCTTACTAGTTCATTAAGATCTTATGAGAGTCCAGGCTTGAAGACATA 1790
 Db 911 GCCATGGAAGCTCTTCTTGTTCACAGAGCTTGTGATGAGAAAGTGGCTCAATAGAT 852
 QY 1791 TTAGATGACATTAAGAGAGATTAATTTATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1850
 Db 851 ATTAATGACATTAAGAGAGATTAATTTATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 792
 QY 1851 CTGGATTTCCAAAGCTGTTTCAATTCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1910
 Db 791 TTAATATTCAGAGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 732
 QY 1911 GAGTTTGTATGATGTTCAATGAGCAATGACATTTGATGATGATGATGATGATG 1963
 Db 731 GAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 672
 QY 1964 -----TGTCTATACAGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2003
 Db 671 ACTCTTATTTCTGATATTTGACATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 612

QY 2004 GCAGAGCTTTTCTACGACAGATTGATAGTCTGCTGATTTTCAATAATGACAGTACGAA 2063
Db 611 GCCAATGCTTTTCTACGACAGATTGATAGTCTGCTGATTTTCAATAATGACAGTACGAA 552
QY 2064 TTCTCTGATGAGGCTGCTTTTGGATTGGTGTGATGAGTTGGCATTAAGCAAGAGGCTATC 2123
Db 551 TTGAGTATGAGGCTGAGATTGGACTAGTGTGAGAGGTTGGATTAAGTCAAGCAGAGATT 492
QY 2124 CAGGCCCTGAGACAGTGGGTGTGAAAGTCTCTTAATCTACATGATGATCTTGGCAGAA 2183
Db 491 CAGCTGAGGCTGAGTGAAGAGATTGATGATTTTAAACAACAGATGATTTCTCAAGAA 432
QY 2184 CGTGGCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2243
Db 431 AGTGAACAAATAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 372
QY 2244 CAAT 2247
Db 371 TGAT 368

RESULT 15

US-10-425-114-8907
; Sequence 8907, Application US/10425114
; Publication No. US2004003488A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Liu, Jingdong
; APPLICANT: Zhou, Yihua
; APPLICANT: Kovalic, David K.
; APPLICANT: Screen, Steven E.
; APPLICANT: Tabaska, Jack E.
; APPLICANT: Cao, Yongwei
; TITLE OF INVENTION: Nucleic Acid Molecules and Other Molecules Associated With
; FILE REFERENCE: 38-21(5313)B
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/425,114
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 73128
; SEQ ID NO 8907
; LENGTH: 1601
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Zea mays
; FEATURE:
; OTHER INFORMATION: Clone ID: 700803361_FLI
US-10-425-114-8907

Query Match 34.6%; Score 881; DB 12; Length 1601;
Best Local Similarity 84.9%; Pred. No. 4,9e-236;
Matches 986; Conservative 0; Mismatches 175; Indels 0; Gaps 0;

QY 1091 TGAGAGTTTAATTAAGTCTGAGATGAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1150
Db 1 TGAGAGTTTAATTAAGTCTGAGATGAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 60
QY 1151 TGAGAGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1210
Db 61 TGAGAGTTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 120
QY 1211 ATCTATTCGATCCCTTGAATATGAGAGCCCTTAATAACCAATGATCTTAATAAAGACAG 1270
Db 121 ATCTATTCGATCCCTTGAATATGAGAGCCCTTAATAACCAATGATCTTAATAAAGACAG 180
QY 1271 GGTTCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1330
Db 181 GATTCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 240
QY 1331 TTTTGAAGTCCGACCTGATGCTTGTTCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1390
Db 241 TTTTGAAGTCCGACCTGATGCTTGTTCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 300
QY 1391 TGGTCTTCTCTTAAAGTGAAGAAAGAAAGTATCAATCAACCAATGATGATGATGATGAT 1450
Db 301 TGGTCTTCTCTTAAAGTGAAGAAAGAAAGTATCAACCAATGATGATGATGATGATGATGAT 360

QY 1451 TTTAATGATGCTATTTCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1510
Db 361 TTTAATGATGCTATTTCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 420
QY 1511 AGATGATGCTCAATTTGCTTAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1570
Db 421 AGAGAAATGCTGATTTTCTTAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 480
QY 1571 AAGTATTAAGCTTGTCTCTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1630
Db 481 CAGCAATTAAGCTTGTCTCTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 540
QY 1631 TGAT 1690
Db 541 TGAT 600
QY 1691 TGTAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1750
Db 601 AGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 660
QY 1751 TCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1810
Db 661 TCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 720
QY 1811 AGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1870
Db 721 AGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 780
QY 1871 TTTATTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1930
Db 781 TTTATTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 840
QY 1931 ATGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1990
Db 841 GTGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 900
QY 1991 AGAT 2050
Db 901 AGAT 960
QY 2051 TGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2110
Db 961 TGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1020
QY 2111 CACAGAGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2170
Db 1021 CACAGAGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1080
QY 2171 GATCTTGGAGAGAGCTGGGCAAGTGTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2230
Db 1081 GATCTTGGAGAGAGCTGGGCAAGTGTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1140
QY 2231 GAGTCTTCTTGAATGAGG 2251
Db 1141 GAGTCTTCTTGAATGAGG 1161

Search completed: March 10, 2004, 11:58:20
Job time: 844.192 secs

28	46.4	1.7	1830121	4	US-09-643-990A-1		Sequence 1, Appl.
29	43.8	1.7	1656	4	US-09-446-301A-1		Sequence 1, Appl.
30	43.8	1.7	1656	4	US-09-099-932-1		Sequence 1, Appl.
31	43.8	1.7	2411	4	US-09-446-301A-15		Sequence 15, Appl.
32	43.8	1.7	2411	4	US-09-099-932-47		Sequence 47, Appl.
33	42.8	1.7	1125	2	US-08-709-874A-25		Sequence 25, Appl.
34	42.8	1.7	1125	2	US-09-104-382-25		Sequence 25, Appl.
35	42.8	1.7	1125	4	US-09-833-555-25		Sequence 25, Appl.
36	42.6	1.7	29555	4	US-08-956-171B-206		Sequence 206, App
37	42.2	1.7	819	4	US-09-107-532A-944		Sequence 944, App
38	41.6	1.6	832	4	US-09-621-976-2813		Sequence 2813, Ap
39	38.8	1.5	1584	4	US-09-328-352-775		Sequence 775, App
40	38.2	1.5	1149	4	US-09-328-352-355		Sequence 355, App
41	38	1.5	357	4	US-09-775-932-23		Sequence 23, Appl
42	38	1.5	20199	4	US-08-561-527-6		Sequence 6, Appll
43	37.8	1.5	580073	4	US-08-545-528D-1		Sequence 1, Appll
44	37.2	1.5	480	4	US-09-134-000C-1373		Sequence 1373Ap
45	37	1.5	640681	4	US-09-790-988-1		Sequence 1, Appll

ALIGNMENTS

```

RESULT 1
/ Sequence 1, Application US/07953695A
/ Patent No. 5344923
/ GENERAL INFORMATION:
/ APPLICANT: VERRA, D. et al.
/ TITLE OF INVENTION: Nucleotide Sequence Encoding For Bifunctional Enzymes For Prol
/ NUMBER OF SEQUENCES: 1
/ CORRESPONDENCE ADDRESS:
/ ADDRESSEE: Kremblae, Foster, and Millard
/ STREET: 7632 Slate Ridge Blvd.
/ CITY: Columbus
/ STATE: Ohio
/ COUNTRY: USA
/ ZIP: 43068
/ COMPUTER READABLE FORM:
/ MEDIUM TYPE: Diskette, 3.5 inch, 720 Kb storage
/ COMPUTER: Macintosh
/ OPERATING SYSTEM: 7.0
/ SOFTWARE: Microsoft Word
/ CURRENT APPLICATION DATA:
/ APPLICATION NUMBER: US/07/953,695A
/ FILING DATE: 19920929
/ CLASSIFICATION: 435
/ PRIOR APPLICATION DATA:
/ APPLICATION NUMBER:
/ FILING DATE:
/ ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
/ NAME: Foster, Frank H.
/ REGISTRATION NUMBER: 24,560
/ REFERENCE/DOCKET NUMBER: URF 2-078
/ TELECOMMUNICATION INFORMATION:
/ TELEPHONE: (614) 575-2100
/ TELEFAX: (614) 575-2149
/ INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
/ SEQUENCE CHARACTERISTICS:
/ LENGTH: 2417 base pairs
/ TYPE: NUCLEIC ACID
/ STRANDEDNESS: double stranded
/ TOPOLOGY: linear
/ MOLECULE TYPE: cDNA
/ DESCRIPTION: Sequence encodes Pyrroline-5-carboxylate synthetase, a bifunctional
/ FRAGMENT TYPE: N-terminalus: N-MESAVDPS--C-terminalus: --RRRGWN-C
/ FRAGMENT TYPE: Internal Fragment: --VDAREMAV--
/ ORIGINAL SOURCE:
/ ORGANISM: Vigna acconitifolia
/ STRAIN: Motbean
/ DEVELOPMENTAL STAGE: Root nodules
/ IMMEDIATE SOURCE:

```

LIBRARY: cDNA expression library

CLONE: cDNA clone

PUBLICATION INFORMATION:

AUTHORS: Chien-An A. Hu, Ashton J. Delauney and Desh Pal S. Verma

TITLE: A bifunctional enzyme (deltaal-pyruvate-5-carboxylase synthetase) catalyz

JOURNAL: Proceedings of the National Academy of Science USA

VOLUME: 89

ISSUE: October

PAGES: 9354-9358

DATE: Oct-1992

RELEVANT RESIDUES IN SEQ ID NO: 1: FROM position 37 to position 2049 GenBank M

US-07-953-695A-1

Query Match 42.9% Score 1092.8; DB 1; Length 2417;

Best Local Similarity 70.9%; Pred. No. 5.5e-312; Indels 6; Gaps 5;

Matches 1519; Conservative 0; Mismatches 617; Indels 6; Gaps 5;

108 GTGACCCGTCGAGCTTGTGAGGAGCGGCTCATCATCAAGTGGGCACT 167
49 GTGATCTTCTCGGGGTTTATGAGAGCGTGAAGCTGTGATCATCAAGTGGGCACT 108
168 GCAGTGTCTCAGACAGATGAGAGTGGCTTTGGGAGGGTGGAGCTGTGGAG 227
109 GCGGTGTCTCTCGAGAGAGAGAGGTTAGCGGTGAGAGATTGGAGCTGTGGAG 168
228 CAGGTTAAGAACTGAACTTTAGATACGAGTGTGATTTGTGATCAGTGTGCTGT 287
169 CAGATTAGCAACTCACTCTCGAGATGAGATTTATCTCTCTCTGGGCGGCTC 228
288 GAGTGTGGGCGACAGCACTTGTAGTACCGGAGGCTGTGATGAGCTTGTGATCTG 347
229 GGTATGAGCGCAAGGCTTACGTTTCCGTAATTAATCAACAGCACTTGTGAGCTT 288
348 CAAAGCCAGAGATGAGATGAGTGAAGAGCTGTGCGGCTGTGTGATGAGTGA 407
289 CAGAAACCCCACTGAGACTCGAGCGAGAGGCTGCGGCGGCTGTGAGAGAGCTC 348
408 ATGCTCTTTACGATATGTTTGTTAACCACTGATGTCTGCTATCTCACTTCTTGT 467
349 ATGCTCTCTACGATACGCTGTCTCACTGCTGATGATGATGATGATGATGATG 408
468 ACCGAGTGTATTTGAGAACCCAAAGTTCGGGAGCACTCATGAACTGTGATGATCA 527
409 ACGGATACGATTTTCGAGTATGAGATTTTCAGAGAGCACTTATGAGATGATGATG 468
528 TTATAGATCTTAAAGTTATACCAATATTTATGAGAAATGATGATGATGATGATG 587
469 CTGTTGCGGTGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 528
588 GCTCATATGAGATTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 647
529 GCTCCATGAGATTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 588
648 GCACTGAGATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 707
589 GCTTGGAGTTAAAGCCGATCTCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 648
708 GGTCAAGATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 767
649 GCGCTTCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 708
768 CAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 827
709 AATGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 768
828 AAGGTGTGTCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 887
769 AAGGTGTGTCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 828
888 AATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 947
829 CCTGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 888

948 GCGATTTGTGGATCATCTAAGATGTAGTACTGATGATGATGATGATGATGATGATG 1007
888 GCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 947
1008 GATGTTGAGGATCATCAAGATTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1066
948 GATGTTGAGGATCATCAAGATTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1007
1067 TGTGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1126
1008 AATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1067
1127 AGCTCGGCGCCAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1186
1068 TACTCTGCAAGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1127
1187 AGGAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1246
1128 TGGAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1187
1247 AATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1306
1188 TGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1247
1307 CCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1366
1248 TCCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1307
1367 ATCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1426
1308 TTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1367
1427 ATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1486
1368 ATCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1427
1487 ACTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1546
1428 ACTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1487
1547 CATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1606
1607 TAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1666
1548 TAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1607
1667 TAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1726
1608 TAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1667
1727 CAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1786
1668 CAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1727
1787 CATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1846
1728 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1787
1847 AGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1906
1788 TGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1847
1907 TGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1966
1848 CCGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1907
1967 TATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2026
1908 AATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1967
2027 TATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2085

DB 1968 AGACAGTCTGCTGTTTTCATCAATGACACCAAGTTAGTACGCGGACGATTGA 2027
CY 2086 GATTGGGTGCTGAGTTGACATAGACACAGGGGCTATCATGCGCTGACAGTGGGTG 2145
DB 2028 GACTAGGCGGAGAGTTGATTAATGATCAAGACAGATTCATGCTCGAGGTGATGAG--A 2085
CY 2146 TTGAAGTCTCTTAACTACACGATGATCTTGGAGAGACGTGGCAAGTGGTAATGTTG 2205
DB 2086 GTTGAAGATTGTTAAACAAGATGATCTAAAGGAGAG--GACAGAGTGTGATGTTG 2144
CY 2206 ACAAGATGCTGTGATACACCAATAGAGTCTCTTTCGCAAT 2247
DB 2145 ATGAGGCGTTGCTTACACCAACCAAGCTTGCAATTAT 2186

RESULT 2
US-08-267-259-1
Sequence 1, Application US/08267259
Patent No. 5639950
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: VERMA, D. et al.
TITLE OF INVENTION: Nucleotide Sequence Encoding For Bifunctional Enzymes For Prol
Patent No. 5639950
NUMBER OF SEQUENCES: 1
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESSEE: Kremblas, Foster, and Willard
STREET: 7632 Slate Ridge Blvd.
CITY: Columbus
STATE: Ohio
COUNTRY: USA
ZIP: 43068
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Diskette, 3.5 inch, 720 Kb storage
COMPUTER: Macintosh
OPERATING SYSTEM: 7.0
SOFTWARE: Microsoft Word
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/267,259
FILING DATE: 29-JUN-1994
CLASSIFICATION: 435
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: 07/953,695
FILING DATE: 29-SEP-1992
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Foster, Frank H.
REGISTRATION NUMBER: 24,560
REFERENCE/DOCKET NUMBER: URF 2-078
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: (614) 575-2149
FAX: (614) 575-2149
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 2417 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: double stranded
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: cDNA
DESCRIPTION: Sequence encodes Pyrroline-5-carboxylate synthetase, a bifunctional
Patent No. 5639950
FRAGMENT TYPE: N-terminus: N-MESAVDPS--
FRAGMENT TYPE: C-terminus:--RRRCMN--C
FRAGMENT TYPE: Internal Fragment:--VDARENAV--
ORIGINAL SOURCE:
ORGANISM: Vigna acuminatifolia
STRAIN: Mothbean
DEVELOPMENTAL STAGE: Root nodules
IMMEDIATE SOURCE:
LIBRARY: cDNA expression library
CLONE: cDNA clone
PUBLICATION INFORMATION:
AUTHORS: Chien-An A. Hu, Ashton J. Delauney and Desh Pal S. Verma
TITLE: A bifunctional enzyme (delta1-pyrroline-5-carboxylate synthetase) catalyz

JOURNAL: Proceeding of the National Academy of Science USA
VOLUME: 89
ISSUE: October
PAGES: 9354-9358
DATE: OCT-1992
RELEVANT RESIDUES IN SEQ ID NO: 1: FROM position 37 to position 2049 GenBank N
US-08-267-259-1

Query Match 42.9% Score 1092.8; DB 1; Length 2417;
Best Local Similarity 70.9% Pred. No. 5.5e-312;
Matches 1519; Conservative 0; Mismatches 617; Indels 6; Gaps 5;

DB 108 GTCCAGCCGTCCTCCGAGCTTGTGAGGAGCGTGAAGCGCTCATCATCAAGTGGGACT 167
CY 49 GTGATCTCTTCGGGGTTTATGAGGAGGTGAAGGTGTGATCATCAAGTTGGACCC 106
DB 168 GCGATTGCTTCCAGACAAAGATGAAAGTTGGCGAGGGTTGAGAGCTCTGTGGAG 227
CY 109 GCGGTGTCTACCTCGGAGAAAGAGGTGACCGGTGGAAGATTGGAGAGCTGTGGAG 168
DB 228 CAGGTTTGAAGAACTGAACTTTTGAATAGAGATTTTGTGTCACCTCAGTGTGT 287
CY 169 CAGATTAGCACTCACTCTCTCGATACGACATTTACTCTCTCTGCGCCCTC 228
DB 288 GAGGTGGGCGACAGCGACTTAGGTACCGGAGCTTGTCAATAGACCTTGTGATCTG 347
CY 229 GGTATTGACCGCAAGGCTAGTTCCGTAAATTATCAACAGCACTTCCGACCTT 288
DB 348 CAAAGCCACAGATGATTTAGTGAAGGCTTGTGCGCTGTGTGACAGGTGAGCTG 407
CY 289 CAGAAACCCCACTGAACTGACGCGAGGCTGCGCGCGTGGACAAACAGATCTC 348
DB 408 ATGCTCTTTAAGATGATGTTTAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 467
CY 349 ATGCTCTCTAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 408
DB 468 ACCGACATGATTTTGAAGAACCCAAAGTCTGGGAGCACTCATGAACTGTGATGCA 527
CY 409 ACGGATTAACGATTTTGAAGATTTGAGATTTGAGAGAGCTTGTGAGCTGTGAAGCTG 468
DB 528 TTATTAGATCTTAAAGTTATCAAAATTTATGAAATGATGATGATGATGATGATGATG 587
CY 469 CTGTTGGGCTGAGAGTTATTCGGGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 528
DB 588 GCTCCATATGAGATTCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 647
CY 529 GCTCCATATGAGATTTCTGTATATTTGGATATGATGATGATGATGATGATGATGAT 588
DB 648 GACCTGGAAGTGAAGCTGATCTCTATCTGCTCAGTGAATGAGGTTGATAGT 707
CY 589 GCTTGGAGTTAAAGCCGATCTCTGTTGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 648
DB 708 GGTCCACAGTGAACCATCATCAAAATCATACACTTATATTAAGAAAGCATCAG 767
CY 649 GGCCTCCAGAGTACCTCATTAAGCTTATTAATATTAACAAAGAAACATCAG 708
DB 768 CAAAGATCATCTTTGAGACAAATCTGTGTAGTGAAGAGCATGACGCAAAAGT 827
CY 709 ATGAAATTAATCTTTGGAGCAAGCTTAGATGAGAGAGCGGAATACCTGCAAGT 768
DB 828 AAGCTGCTGCTTGGCTTCAATATGACGCAACCTGTGTTATTAAGTGGTTTGA 887
CY 769 AAGCTGCTGCTTCAAGTCAAGCTGAGAGCTGATCTCTGTGTTATTAACAGTGGTTTGA 828
DB 888 AATCGAGATCTTTAAAGTCTTCTATGAGGAGAAATTTGATCTCTTCTTCAAGAT 947
CY 829 CCTGAAATATCATTAATGTTCTCCAAAGACATATAGAACTCTTCTCATTAAGAT 888
DB 948 GCGAATTTGGGAATCATCTAAGATTTAGTACTCTGTGATGATGATGATGATGATGAT 1007
CY 889 GCAATGATGAGGCTCAAGTAAAGAGTTATGACGTGAGAGGCTTGTGAGC--AGG 947
DB 1008 GATTGTTCAAGGATCTTCAAGATTTGATCAACAGG--AACGAAAAAGATATTGCTAGA 1066

Db 707 GTCAATGTTGTAGAGACACAGGAGCTTACAAAAGGTTACCAATTACCTGAATG 766
 Qy 1702 CAAAACGATTAACCCAGAGCTGCAATGAGACCTTACTAGTTCAATGAGATC 1761
 Db 767 CTAAGACATGCTTACGCGCTTTGTATGAGAAAGAACTGCTGCTGTAAGAAAAA 826
 Qy 1762 TTAAGAAAGT-----CGAGGCTTACAGCATATATAGACCTAAAGAGAG--AG 1812
 Db 827 TTGAGAGAGTTTCTTACACACATGCTGAGCTTTAGCTGAAAAAAGAGTTGAGTAC 886
 Qy 1813 GAGTTAATATTATGAGGACCTATGCGACAAAGCTTGGGATTTCCAAAAGCTGTTT 1872
 Db 887 GTGTGTCGCCAGAAACAGTGTATTTTAGAGAGCTGTGAAAACCTGCGACAGAGAG 946
 Qy 1873 CATTTCAATCATGAGTAATAGTTCTATGCGCTGCACTGTGAGTTTGTATGATGATTCAT 1932
 Db 947 ATTGATTAACCAATATTATGAGACCGATCTTGCAATTTAAAGTGTAGCGGATTTGATG 1006
 Qy 1933 CAGCAATTGACCAATATTCATGCTATGAGAAAGTCTCATACAGATTGTATGCTACATACAG 1992
 Db 1007 AAGCAATTGACCAATATCAAAATATGTTGCGATCATACAGATGCGATTTGTACAGAGA 1066
 Qy 1993 ATGATTAAGTACAGAGACTTTTCTACAGAGATTGATAGTCTGTATTTCAATATG 2052
 Db 1067 ACTATACCTTGGCAGCTGATCTTGGCTGCGGTGATGCAAGCTCCGCTGATGTTAATG 1126
 Qy 2053 CAAGTACAGAAATCTCTGATGAGGCTCGTTTGGATGGGTCGAGAGTTGGCAATAGCA 2112
 Db 1127 CATCACTCGTTTGGCGATGCTTTGAATATGTTTAGTGTCTGAAATTTGATCTCAA 1186
 Qy 2113 CAGGCGTATCATGCCCCGTGAGCAAGTGGTGTGAAAGTCTCTTAATCATACAGATGGA 2172
 Db 1187 CAGATTAAGATTCATGACGCGCGCTGTGTCCTTAGAAGTTTAACCTTCAAAAAATGGA 1246
 Qy 2173 TGTGCGAGAGAGCTGGGAGAT 2194
 Db 1247 TTGTTTAGTACGAGTTCAAT 1268

RESULT 9
 US-09-557-884-1/c
 Sequence 1, Application US/09557884
 Patent No. 6506581
 GENERAL INFORMATION:
 APPLICANT: Fleischmann et al.
 TITLE OF INVENTION: The Nucleotide sequence of the Haemophilus influenzae Rd Genome, Fragments thereof, and Uses Thereof
 NUMBER OF SEQUENCES: 1
 CORRESPONDENCE ADDRESS:
 ADDRESSEE: Human Genome Sciences, Inc.
 STREET: 9410 Key West Avenue
 CITY: Rockville
 STATE: MD
 COUNTRY: USA
 ZIP: 20850
 COMPUTER READABLE FORM:
 MEDIUM TYPE: 3 1/2 inch diskette
 COMPUTER: Dell Pentium
 OPERATING SYSTEM: MS DOS v6.22
 SOFTWARE: ASCII Text
 CURRENT APPLICATION DATA:
 APPLICATION NUMBER: US/09/557,884
 FILING DATE: 25-Apr-2000
 CLASSIFICATION: <Unknown>
 PRIOR APPLICATION DATA:
 APPLICATION NUMBER: 08/476,102
 FILING DATE: JUN-5-1995
 ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
 NAME: Michelle S. Marks
 REGISTRATION NUMBER: 41,971
 REFERENCE/DOCKET NUMBER: PB186P3
 TELECOMMUNICATION INFORMATION:

TELEPHONE: 301-309-8504
 TELEFAX: 301-309-8439
 INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
 SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 LENGTH: 1830121 base pairs
 TYPE: nucleic acid
 STRANDEDNESS: double
 TOPOLOGY: linear
 SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1:
 US-09-557-884-1

Query Match 4.9%; Score 125.8; DB 4; Length 1830121;
 Best Local Similarity 45.9%; Pred. No. 1.2e-24;
 Matches 537; Conservative 0; Mismatches 607; Indels 27; Gaps 2;

Qy 1039 CAGAGGAGCAAGAAAGATATGCTAGATGTTGAGATGCTTTGGAGCAATGAGATT 1098
 Db 1312952 CTGCTGAAAAAATTTGCTATTCATATTATGCAAGAACCTGACAAAGACCGC 1312893
 Qy 1099 TAATAAGCTGTGAGATGAGCTGATGAGTGGCGCCAAAGTTGCTGATATGAAAGC 1158
 Db 1312892 TTATCTTAGCCGAAAAACGAAAGATATGAACTTGCAAAACAAATGATATGCGATG 1312833
 Qy 1159 CTTTGCTGTGATGATGCTATTAACAGAGAAATAGCAAGCTTGCATAATCTATTC 1218
 Db 1312832 CTTGATTTGATGCTTACTGCTCACAGAAACGTTTACAAAGGATGCTATATGATGAC 1312773
 Qy 1219 GTACCTTGCAAAATATGAGAACCTTATTAACAGATCTTAAAAAGACAGAGTTGCTG 1278
 Db 1312772 GCCAGCTATTTCTCTACAGATCCCGTGGGAAAAATATAGAGCGGCTACATGATA 1312713
 Qy 1279 ATGATTTAGTTCTTGAAGAAACATTTGCCATTTAGTGTCTCTTAATGTTTGAAT 1338
 Db 1312712 GCGGACTTAATAATCGAAGCGTACGACTCGCGTGGGCTATGTTGCAATTAATAGAG 1312653
 Qy 1339 CCGAGCTGATGCTCTGTTGATGATGATGCTTTGGCAATTCGAAGTGTATGCTTTC 1398
 Db 1312652 CTGGCCCAATGTAACATTAATGAGCAAGCTTTGCTTAAACGGTAAATGAGTGA 1312593
 Qy 1399 TCTTAAGTGTGAAAGAAAGAGCTATCAGATCAACACAGATATGATTAAGTTATACGT 1458
 Db 1312592 TTTTACGGGCTGTGTAAGAAACAGTCTTTCTAACAATTTATTCAGAGTGTGCAAA 1312533
 Qy 1459 ATGCTATTCCTGTATATGTTGTGTAAGAACTTATTTGGC-----TTGTTACACTA 1509
 Db 1312532 ATGCTTTAGAGAGACAGGCTTACCAAAATTTGCGGTCAAGCCATTAACGATCCAAAC 1312473
 Qy 1510 GAGATGAGATCGCAGATTTGCTAAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1569
 Db 1312472 GTGAAGCTGTATGCAATTTATTAAGAGTGAATGATGATGATGATGATGATGATG 1312413
 Qy 1570 GAAATTAAGCTTGTCTCTCAATCAAGGCGTCACTAATGATTTCTGTTGGGCAATG 1629
 Db 1312412 GTGGTTCCGGTTTACATGAAATGTTGTAACAACATTCGATCTTATTTGAGGGTG 1312353
 Qy 1630 CTGATGTAATATGCAAGTAATATATATGCAAAATCAGTGAAGATATGCAAAACTTA 1689
 Db 1312352 GTGTGGGTTTGTCTATCTTCTGTAAGAAATTTTAAAGTCCGATTAATAAGATTTTGG 1312293
 Qy 1690 TTGTAATGAGTCAAAAGTAAATGTAACCGAGCTGCAATGCAATGAGACCTTACTAG 1749
 Db 1312292 TTAATGATTAACCCCAAAACCCAGCTCAAGCACTGTAAACATTTGAAATGTTAG 1312233
 Qy 1750 TTCAATAGATCTTATGAAAGTCT-----CAGGCTTGACGACATAT 1791
 Db 1312232 TTCAACATTTCTATGTAAGAAATTTTAACTTAAGTGTCTCTACCTTTCCGCTAA 1312173
 Qy 1792 TAGTACACTAAACAGAGAGTAAATATTAATGAGTGAAGCTTATGCGCAAAAGCTC 1851
 Db 1312172 AGTAAATATATCATGCAAAATCCAGCACTAATATATGTAAGAAACAGCGGATGCAATG 1312113
 Qy 1852 TGGATTTCCAAAAGCTTTTATTTCAATCAAGATTAATGTTCTATGAGCTGCACTGATG 1911

Db 1312112 TCTGGCAATGACAGAAAAAGATTGCCAAGAAATGGGATCATGATTTGAATGG 1312053
 QY 1912 AGTTTGTGATGATGTTCAATGACCAATGACCATATTCATGTTGAAAGTGTCTATA 1971
 Db 1312052 TTGTTGTGAAAGATTTATGATCCGCTATGACATATCCGCAATATGTTACGCAACATT 1311993
 QY 1972 CAGATTGTTATGCTACTACAGATGATAGAGTGGAGAGACTTTCTAGCGAGTTGATA 2031
 Db 1311992 CTGAAAGTATTTAACTTCTTCAACAAGCTTAGCCCGTCAATTTATCAATCAAGTTGATG 1311933
 QY 2032 GTGCTGCTGATTTCAATATGAGAATGACGATTTCTGATGGGGCTGTTTGGATTGG 2091
 Db 1311932 CGGACACCGCTTATGTAATGACAGCAACGCTTTACTGATGGCGGACAAATTTGATTAAG 1311873
 QY 2092 GTGCTGAGTTGGCATTAAGCAAGGCGGATTCATGATCCGTGGAGCAATGGGTGTTGAAG 2151
 Db 1311872 GCCCAAGATTTGCCGAGATACCAAAAATTGACGCTGTGGCCCAATGGGATTAGAAG 1311813
 QY 2152 GTCTTAATACAGATGATCTTGCAGG 2182
 Db 1311812 CATTAACCACTTAAATGGGTTTGAAGG 1311782

RESULT 10

US-09-643-990A-1/c
 ; Sequence 1, Application US/09643990A
 ; Patent No. 6528289

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: Robert D. Fleischmann
 Mark D. Adams
 Owen White
 Hamilton O. Smith

J. Craig Venter

TITLE OF INVENTION: The Nucleotide sequence of
 the Haemophilus influenzae Rd Genome, Fragments
 Thereof, and Uses Thereof

NUMBER OF SEQUENCES: 1

CORRESPONDENCE ADDRESS:

ADDRESSEE: Human Genome Sciences, Inc.

STREET: 9410 Key West Avenue

CITY: Rockville,

STATE: MD

COUNTRY: USA

ZIP: 20850

COMPUTER READABLE FORM:

MEDIUM TYPE: 3 1/2 inch diskette

COMPUTER: Dell Pentium

OPERATING SYSTEM: MS DOS V6.22

SOFTWARE: ASCII Text

CURRENT APPLICATION DATA:

APPLICATION NUMBER: US/09/643,990A

FILING DATE: 23-Aug-2000

CLASSIFICATION: <Unknown>

PRIOR APPLICATION DATA:

APPLICATION NUMBER: 08/487,429

FILING DATE: 1995-06-07

APPLICATION NUMBER: 08/426,787

FILING DATE: 1995-04-21

ATTORNEY/AGENT INFORMATION:

NAME: Kenley K. Hoover

REGISTRATION NUMBER: 40,302

REFERENCE/DOCKET NUMBER: P186P1C1

TELECOMMUNICATION INFORMATION:

TELEPHONE: 301-610-5790

TELEFAX: 310-309-8439

INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:

SEQUENCE CHARACTERISTICS:

LENGTH: 1830121 base pairs

TYPE: nucleic acid

STRANDEDNESS: double

TOROLGY: linear

SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1:

US-09-643-990A-1

Query Match 4.9%; Score 125.8; DB 4; Length 1830121;
 Best Local Similarity 45.9%; Pred. No. 1.2e-24;
 Matches 537; Conservative 0; Mismatches 607; Indels 27; Gaps 2;
 Db 1039 CAGAGCAACGAAAAAGATTTGCTAGATTTGGCAGATCTTTGGAGCAAAATGAGATT 1098
 QY 1312952 CTGCTGAAAAAATTTGGATTTATTCATTTATTCAGAACATCGAACAACAGACCCG 1312893
 Db 1099 TAAATAGCTCTGAGATGAAAGCTGATGAGCTGCGGCCCAAGTGTGATATGAAAGC 1158
 QY 1312892 TTATCTTGGCCGAAAAACGAAAAAGATTTGAACCTTCCAAAACAAAATGATTCGGAAG 1312833
 Db 1159 CTTTGGTTGCTAGATTGACTATTAACACAGAAAGATAGCAAGCTTTGCAAAATCTATTTC 1218
 QY 1312832 CTTGATGATTCCTTACTACTGCTACACAGAAAGCTTTCAAGGCATTTGATATGATGTC 1312773
 Db 1219 GTACCTTGCAGAAATATGAAAGACCTTATTAACAGATCTTAAATAAAGACAGAGTTGCTG 1278
 QY 1312772 GCCACGTTATTTCTCTAGCAGATCCCGTGGGAAAAATCATAGACGGCGGTACATGGGATA 1312713
 Db 1279 ATGATTTAGTTCTTGAAGAAACATCTTGCCCATTAAGTGTCTTAAATTTGTTGAGT 1338
 QY 1312712 GCGGACTTAATAATCGAACGCTGACGACTCCGCTAGGCGTCAATGGTTAATTAAGAG 1312653
 Db 1339 CCCGACCTGATGCTTGGTTTCAATTTGATGATCTTTGGCAATTTGCAAGTGTATGTCTTTC 1398
 QY 1312652 CTGCGCAATGTAAACCATTTGATGAGTGGCAAGTCTTTGCCCTTAAACGCGGTAAATGACGTA 1312593
 Db 1399 TCCATAAAGTGGAAAAAGAAAGCTATGATCAACAGATATGATGATTAAGTTAACTG 1458
 QY 1312592 TTTTACCGGGGTGAAAGAAACACAGTTTCTTAAAGATTTTAAATGCAAGTTGTGCAAA 1312533
 Db 1459 ATGCTATTCCTGTAATGTTGTGAAAAACTTAATGACC-----TTGTTAACTA 1509
 QY 1312532 ATGCTTTAAGCAAGACGCTTACCAAAATTTCCGGTCAAGCATTAACGATCCAAAC 1312473
 Db 1510 GAGATGATGACGAGATTTGCTAAAGCTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1569
 QY 1312472 GTGAACCTGTTATGCAATTTTAAACTGATGCTATGATGATGATGATGATGATGATG 1312413
 Db 1570 GAAATTAAGCTTGTCTCTCAATCAAGGCTGCAACTAAGATTCCTGTTCTTGGGATG 1629
 QY 1312412 GTGGTTGGGTTTACATGAAATTTGTTAAACAACATTCGATTTCTGTTATTTGGGATG 1312353
 Db 1630 CTGATGATATGCGCAGCTATATTTGACAAATCAGCTGACATGATGATGATGATGATGATG 1689
 QY 1312352 GTGCGGTTGTTTGTCTATCTTGTGAAAAAGTGGGATCAAAATTAAGCGATTTTTC 1312293
 Db 1690 TTGTAATGATGCAAAAAAGTATTACCCAGAGCTGCAATGATGATGATGATGATGATGATG 1749
 QY 1312292 TTATGATTAAGCCCAAAACCAACGCTCAAGACCTGTAAACATTTGGAACAATTTGTTAG 1312233
 Db 1750 TTCTAAGAGATCTTATGAGAGTC-----CAGGCTTGAAGCACTAT 1791
 QY 1312232 TTCAACATTTCTATTGCTGAGAAATTTTAACTTAACTTGTCTGACCTTTCCGCTAAAA 1312173
 Db 1792 TAGTAGACCTAAAAAGAGAGATTAATTTATGTTGATGACCTATTGCCACAAAGCTC 1851
 QY 1312172 ACGTAAATATATGACGAAATTCACCGCATTAATATTAATGAAACAAGCGGGTGCAGATG 1312113
 Db 1852 TGGGATTTCCAAAAGCTGTTCTTATTCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1312053
 QY 1312112 TCTGCAAGTACAGAAAAAGAAATTTGGAAAGATGGGATTCATTTGATTTGATGTTG 1312053
 Db 1912 AGTTTGTGATGATGTTCAATGACCAATGACCATATTCATGTTGAAAGTGTCTATA 1971
 QY 1312052 TTGTTGTGAAAGATTTATGATCCGCTATGACATATCCGCAATATGTTACGCAACATT 1311993
 Db 1972 CAGATTGTTATGCTACTACAGATGATAGAGTGGAGAGACTTTCTAGCGAGTTGATA 2031
 QY 1311992 CTGAAAGTATTTAACTTCTTCAACAAGCTTAGCCCGTCAATTTATCAATCAAGTTGATG 1311933

QY 2032 GTGCTGCTATTTTCAATATGCAAGTATCTCTGATGGGGCTCGTTTGGATTGG 2091
DB 1311932 CGGAGCCGTTTATGTAATGCAAGCAGCTTTATGATGGCGCAATTTGGATTAG 1311873
QY 2092 GTGCTGAGTTTGGATATGACAGAGGGGCTATCCATGCCCCGTGACCAAGTGGTGTGAAG 2151
DB 1311872 GCGAGAAAGTTGGCGGTGAGTACCAGAAACTTACAGCTCGTGGCCCAATGAGATTGAAG 1311813
QY 2152 GTCTCTTAATCAACAGATGATCTTGGCAGG 2182
DB 1311812 CATTAACAGTTATTAATGGTTTGTGAAG 1311782

RESULT 11

US-09-313-294A-6792
Sequence 6792, Application US/09313294A
Patent No. 6476212
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Ialugdi, Raghunath V.
APPLICANT: Ito, Laura Y.
APPLICANT: Sherman, Bradley K.
TITLE OF INVENTION: POLYNUCLEOTIDES AND POLYPEPTIDES DERIVED FROM CORN EAR
FILE REFERENCE: FI-0017 US
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/313.294A
CURRENT FILING DATE: 1999-05-14
NUMBER OF SEQ ID NOS: 7600
SOFTWARE: PERL Program
SEQ ID NO 6792
LENGTH: 294
TYPE: DNA
ORGANISM: Zea mays
FEATURE:
NAME/KEY: misc feature
OTHER INFORMATION: Incycle ID No. 6476212 700352413H1
NAME/KEY: unsure
LOCATION: 7, 62, 68, 195
OTHER INFORMATION: a, t, c, g, or other
US-09-313-294A-6792

Query Match 4.8%; Score 123.4; DB 4; Length 294;
Best Local Similarity 73.4%; Pred. No. 2e-26;
Matches 157; Conservative 0; Mismatches 57; Indels 0; Gaps 0;

QY 94 TCGCCATGCGAGCGTTCGACCCGTCGAGCTTCGTGAGGAGCTGAACGGCTCATCA 153
DB 78 TGGCCATGAGACCGCCGATCTGCGCTGATTCGTAAGAGAGCTCAACGATCATTA 137
QY 154 TCAAGGTGGGACGACGAGTTGCTTCAGACAAGATGAGATGGCTTTGGGCGAGGTTG 213
DB 138 TCAAGGTGGGACGAGCTTTGCTTCAGACAAGATGAGATGGCTTTGGGCGAGGTTG 197
QY 214 GAGCTCTGTGAGAGAGGTTAAGAACTGAACTCTTTAGATACGAAGTATTTGGTCA 273
DB 198 GTTCTCTGTGAGACAGGTGAGCACTGAATTTTCAAGGGTATAGAGTATCTGGTAA 257
QY 274 CCTGAGTGTCTTGGAGTGGGGCGAGCGACT 307
DB 258 CCTGAGGAGCTGTGGTGTGTGGAGGCGAGGCT 291

RESULT 12

US-08-961-527-22
Sequence 22, Application US/08961527
Patent No. 6420135
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Charles Kunsch
TITLE OF INVENTION: Streptococcus pneumoniae Polynucleotides and Sequences
NUMBER OF SEQUENCES: 391
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESSER: Human Genome Sciences, Inc.
STREET: 9410 Key West Avenue
CITY: Rockville
STATE: Maryland

COUNTRY: USA
ZIP: 20850
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Diskette, 3.50 inch, 1.4MB storage
COMPUTER: HP Vectra 486/33
OPERATING SYSTEM: MSDOS version 6.2
SOFTWARE: ASCII Text
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/961.527
FILING DATE:
CLASSIFICATION: 424
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER:
FILING DATE:
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Brookes, A. Anders
REGISTRATION NUMBER: 36,373
REFERENCE/DOCKET NUMBER: P8340P1
TELEPHONE: (301) 309-8504
TELEFAX: (301) 309-8512
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 22:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 28171 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: double
TOPOLOGY: linear
US-08-961-527-22

Query Match 4.3%; Score 109; DB 4; Length 28171;
Best Local Similarity 47.5%; Pred. No. 7.2e-21;
Matches 544; Conservative 0; Mismatches 565; Indels 36; Gaps 6;

QY 1040 AGAGAGAGAGAGAGAGATATGCTAGATGTTGACATGCTTTGAGAGCAATGAGATT 1099
DB 5902 AGAGAGAGAGAGAGAGATATGCTAGATGTTGACATGCTTTGAGAGCAATGAGATT 5961
QY 1100 AATTAAGCTGAGATGAGAGCTGAGTGGCGGCCCAAGTTGCTGATATGAGAAACC 1159
DB 5962 AATTTAAGCGGCTAATGCTGATATGAGAGCTGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 6019
QY 1160 TTGGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1219
DB 6020 -ATGTTGATGCTCTTTATTTGATGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATG 6078
QY 1220 TACCTTGCAATATGAGAGAGCTTATTAACAGATCTTTAAGAGAGAGAGTGTCTGA 1279
DB 6079 TGAAGTGTGGCTTACAGAGATCCAGATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 6138
QY 1280 TGAATTAAGTCTTGAAG 1339
DB 6139 TGAATTAAGTCTTGAAG 6198
QY 1340 CCGACCTGATGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1399
DB 6199 CCGTCAAAATGAG 6258
QY 1400 CCTAAAGGTGAG 1455
DB 6259 TCTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 6318
QY 1456 -----CTGATGCTATTCCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1510
DB 6319 GGGCTTGGAG 6378
QY 1511 AGATGATGAG 1570
DB 6379 TGAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 6438
QY 1571 AAGTAAAGCTTGTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1630
DB 6439 AGAGAGTGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 6498

QY 1631 TGATGTATATGCGACGTATATATGACAAATCAGCTGACATGATATGCGAAAATCTAT 1690
DB 6499 GACTGAGATGTCATGCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6558
QY 1691 TGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1750
DB 6559 CATCAACATGCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6618
QY 1751 TCAAT-----AGATCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1804
DB 6619 TATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6678
QY 1805 AACAGAGAGAG-----TTAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1852
DB 6679 TATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6738
QY 1853 GGGATTTCCAAAGCTGTTT-----ATTTCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1906
DB 6739 TTTAGGTCAGAGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6798
QY 1907 TGTGAT 1966
DB 6799 TGTGAT 6858
QY 1967 TATATGAT 2026
DB 6859 TATATGAT 6918
QY 2027 TATATGAT 2086
DB 6919 GAT 6978
QY 2087 ATGAT 2146
DB 6979 TGTGAT 7038
QY 2147 TGAG 2151
DB 7039 GAAAG 7043

RESULT 13
US-09-724-623-44
; Sequence 44, Application US/09724623
; Patent No. 6476209
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Glenn, Matthew
; APPLICANT: Lubbers, Mark W
; APPLICANT: Dekker, James
; TITLE OF INVENTION: Polynucleotides, materials incorporating
; them, and methods for using them.
; FILE REFERENCE: 1048U1
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/724,623
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 124
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 44
; LENGTH: 1254
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Lactobacillus rhamnosus
US-09-724-623-44

Query Match 3.1%; Score 80; DB 4; Length 1254;
Best Local Similarity 44.5%; Pred. No. 3.4e-13;
Matches 470; Conservative 0; Mismatches 565; Indels 21; Gaps 3;

QY 1167 GCTAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1226
DB 202 GAT 261
QY 1227 GCAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1286
DB 262 GCGGCTTACCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 321

QY 1287 GTTCTGAT 1346
DB 322 AATATGAT 381
QY 1347 GAT 1406
DB 382 AATGAT 441
QY 1407 GGTGAT 1466
DB 442 GCGGCTTACCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 501
QY 1467 CCTGAT 1517
DB 502 ACCGAT 561
QY 1518 ATGAT 1577
DB 562 GCGAT 621
QY 1578 AAGCTTGTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1637
DB 622 GGTGAT 681
QY 1638 ATATGAT 1697
DB 682 AATGAT 741
QY 1698 GAT 1757
DB 742 AAGGCTTACCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 801
QY 1758 GAT 1817
DB 802 GAT 858
QY 1818 AATATGAT 1868
DB 859 GAT 918
QY 1869 GTTCTGAT 1928
DB 919 GAT 978
QY 1929 CAATGAT 1988
DB 979 GAT 1038
QY 1989 AAGAT 2048
DB 1039 GAT 2108
QY 2049 AATGAT 2168
DB 2109 AAGGCTTACCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2204
QY 2169 GAT 2264
DB 2269 TATGAT 2324

RESULT 14
US-09-107-532A-2515
; Sequence 2515, Application US/09107532A
; Patent No. 6583275
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Lynn A Doucette-Stamm and David Bush
; TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACID AND AMINO ACID SEQUENCES RELATING TO

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2004 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: March 10, 2004, 10:31:30 ; Search time 9652.81 Seconds

(without alignments) 11544.306 Million cell updates/sec

Title: US-10-026-767-2

Perfect score: 2571

Sequence: 1 ctgatactatctctctacc.....tcaagatactactactcttc 2571

Scoring table: IDENTITY_NUC

Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 3470272 seqs, 21671516995 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 6940544

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length: 2000000000

Post-Processing: Minimum Match 0%

Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database : GenBank

1: gb_ba:*
2: gb_hcg:*
3: gb_in:*
4: gb_om:*
5: gb_ov:*
6: gb_pat:*
7: gb_ph:*
8: gb_pl:*
9: gb_pr:*
10: gb_ro:*
11: gb_seg:*
12: gb_sy:*
13: gb_un:*
14: gb_vl:*
15: em_ba:*
16: em_fun:*
17: em_hum:*
18: em_in:*
19: em_mu:*
20: em_om:*
21: em_or:*
22: em_ov:*
23: em_pat:*
24: em_ph:*
25: em_pl:*
26: em_ro:*
27: em_seg:*
28: em_un:*
29: em_vl:*
30: em_hcg_hum:*
31: em_hcg_inv:*
32: em_hcg_other:*
33: em_hcg_mus:*
34: em_hcg_pln:*
35: em_hcg_rtd:*
36: em_hcg_mam:*
37: em_hcg_vrt:*
38: em_sy:*
39: em_hcgo_hum:*
40: em_hcgo_mus:*
41: em_hcgo_other:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a

score greater than or equal to the score of the result being printed,
and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	2571	100.0	2630	8	AF424633
2	2569.4	99.9	2600	8	AY080771
3	2561.4	99.6	2571	8	ATHTATPSCS
4	2559.8	99.6	2584	8	ATPSCOSMR
5	2537	98.7	2552	8	ATPSCAGN
6	2185	85.0	2185	8	AY150430
7	2154	83.8	2154	6	AX506696
8	2154	83.8	2154	6	AY113046
9	1864.6	72.5	2551	8	AF314811
10	1673.4	65.1	2440	8	ATPSCS2
11	1673.4	65.1	2517	8	AY091766
12	1669.8	64.9	2181	6	AX507171
13	1662.4	64.7	2529	8	AF314812
14	1243.8	48.4	2378	8	ADU92286
15	1228.6	47.8	2239	8	SLU60267
16	1203	46.8	2374	8	VV15686
17	1198.6	46.6	2791	8	AB056452
18	1184.2	46.1	2992	8	AF067967
19	1181	45.9	2520	8	MTR278818
20	1156.8	45.0	2417	6	147781
21	1156.8	45.0	2417	8	VIRPYR
22	1087.2	42.3	2767	8	AK102633
23	1085.6	42.2	2549	8	D49714
24	1062.8	41.3	2549	6	E15267
25	1055.8	41.1	2603	8	MSPSCS1
26	1017.2	39.6	2739	8	AK101230
27	1017.2	39.6	3386	8	AK069425
28	875.8	34.1	1821	8	AK101985
29	630.4	24.5	712	8	AB097403
30	458.6	17.8	6145	8	ATDMAP3CG
31	457.6	17.8	92624	8	AC003000
32	425.2	16.5	1250	8	MSPSCS2
33	405.4	15.8	801	8	MTR278820
34	358.2	13.9	3256	9	HSU68758
35	356.6	13.9	967	8	AF503911
36	355.4	13.8	3262	9	HSU76542
37	342.6	13.3	2907	9	HSPSCS
38	323.2	12.6	3442	10	AF056574
39	322	12.5	9423	8	ATH275979
40	318.8	12.4	3419	10	BC037659
41	318.8	12.4	3472	10	BC033427
42	317.2	12.3	3448	10	AF056573
43	285.2	11.1	2903	3	AY069110
44	282.8	11.0	570	8	AF101424
45	232.2	9.0	349082	1	BX572091

ALIGNMENTS

RESULT 1
AF424633
LOCUS
DEFINITION
ACCESSION
VERSION
KEYWORDS
SOURCE
ORGANISM
REFERENCE
AUTHORS

AF424633
Arabidopsis thaliana
AF424633
AF424633.1
GI:15983516
FLI CDNA
Arabidopsis thaliana (thale cress)
Arabidopsis thaliana
Eukaryotes; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicotyledons;
rosids; eurosids II; Brassicales; Brassicaceae; Arabidops.
1 (bases 1 to 2630)
Shim, P., Chen, H., Cheuk, R., Kim, C.J., Koesema, E., Meyers, M.C.,
Bam, J., Bowser, L., Carninci, P., Dale, J.M., Goldsmith, A.D.,

2630 bp mRNA linear PLN 08-OCT-2001
complete cds.

QY 1081 CGATGCGCTTGAAGCAATGTTACTACATCAAGAGTGAAGTGAAGTGAAGTTC 1140
 DB 1094 CGATGCGCTTGAAGCAATGTTACTACATCAAGAGTGAAGTGAAGTGAAGTTC 1153
 QY 1141 TGCAAGAGAGGCTGGGTGGAAGAGTCAATGTTGCTCGCTTACTTGAACACCTGGAAA 1200
 DB 1154 TGCAAGAGAGGCTGGGTGGAAGAGTCAATGTTGCTCGCTTACTTGAACACCTGGAAA 1213
 QY 1201 GATCTCCAGCTTCCAGCTTCAATTCGTAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTTC 1260
 DB 1214 GATCTCCAGCTTCCAGCTTCAATTCGTAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTTC 1273
 QY 1261 TGTTTTAAAGAAAAGAGTGGAGAGTGGTCTTGTCTTGAAGAGAGCTCATCACTT 1320
 DB 1274 TGTTTTAAAGAAAAGAGTGGAGAGTGGTCTTGTCTTGAAGAGAGCTCATCACTT 1333
 QY 1331 AGGCGTACTTCTGATTTTGAATCCGAGCTGATGACCTTGTACAGATAGCTTCACT 1380
 DB 1334 AGGCGTACTTCTGATTTTGAATCCGAGCTGATGACCTTGTACAGATAGCTTCACT 1393
 QY 1381 TGCCATCCGAGTGAAGTGGTCTTGTCTGTAAGGAGTGAAGAGGCGCGGATGAAA 1440
 DB 1394 TGCCATCCGAGTGAAGTGGTCTTGTCTGTAAGGAGTGAAGAGGCGCGGATGAAA 1453
 QY 1441 TGCTATCTTACACAGAGTGAATCACTGATGCAATTCAGAGACTGTTGGGGTAAACTCAT 1500
 DB 1454 TGCTATCTTACACAGAGTGAATCACTGATGCAATTCAGAGACTGTTGGGGTAAACTCAT 1513
 QY 1501 TGCGCTTGTGATCTTCAAGAGAGAGTTCGATTTGCTTGAAGTGAAGTGAAGTTC 1560
 DB 1514 TGCGCTTGTGATCTTCAAGAGAGAGTTCGATTTGCTTGAAGTGAAGTGAAGTTC 1573
 QY 1561 TCTTGTGATCCCAAGAGAGAGCAACAGCTTGTATCTCAGATAAATACTACAAAAT 1620
 DB 1574 TCTTGTGATCCCAAGAGAGAGCAACAGCTTGTATCTCAGATAAATACTACAAAAT 1633
 QY 1621 CCTTGTGATGATCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1680
 DB 1634 CCTTGTGATGATCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1693
 QY 1681 GGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1740
 DB 1694 GGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1753
 QY 1741 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1800
 DB 1754 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1813
 QY 1801 TTTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1860
 DB 1814 TTTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1873
 QY 1861 GAAACATACAGAGAGAGAGATTCATCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1920
 DB 1874 GAAACATACAGAGAGAGAGATTCATCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1933
 QY 1921 AGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1980
 DB 1934 AGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1993
 QY 1981 AGAGTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2040
 DB 1994 AGAGTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2053
 QY 2041 CGCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2100
 DB 2054 CGCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2113
 QY 2101 TGCAAGAGTGGGGTGAAGAGAGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2160
 DB 2114 TGCAAGAGTGGGGTGAAGAGAGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2173

QY 2161 ATTACTTCAACAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2220
 DB 2174 ATTACTTCAACAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2233
 QY 2221 AATTGTTTACACCATTCAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2280
 DB 2234 AATTGTTTACACCATTCAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2293
 QY 2281 TTTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2340
 DB 2294 TTTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2353
 QY 2341 TCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2400
 DB 2354 TCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2413
 QY 2401 CTGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2460
 DB 2414 CTGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2473
 QY 2461 ACCACTTACTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2520
 DB 2474 ACCACTTACTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2533
 QY 2521 TTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2571
 DB 2534 TTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2584

RESULT 2
 LOCUS AY080771
 DEFINITION Arabidopsis thaliana putative delta-1-pyrroline 5-carboxylase
 ACCESSION AY080771
 VERSION AY080771.1 GI:19423915
 KEYWORDS FLI CDNA.
 ORGANISM Arabidopsis thaliana (thale cress)
 Arabidopsis thaliana
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
 Rosids; eurosids II; Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsis.
 1 (bases 1 to 2600)
 Yamaoka, K., Liu, S.X., Sakano, H., Pham, P.K., Ban, J., Chung, M.K.,
 Goldsmith, A.D., Lee, J.M., Quach, H.L., Toriumi, M., Yu, G., Bowser, L.,
 Carninci, P., Chen, H., Cheuk, R., Hayashizaki, Y., Ishida, J., Lam, B.,
 Lin, J., Miranda, M., Narusaka, M., Nguyen, M., Palm, C.J., Sakurai, T.,
 Satou, M., Seki, M., Shim, P., Southwick, A., Shinzaki, K.,
 Davis, R.W., Ecker, J.R. and Theologis, A.
 Arabidopsis Full length cDNA clones
 Unpublished
 2 (bases 1 to 2600)
 Yamaoka, K., Ban, J., Chan, M.M., Chang, C.H., Chang, E., Dale, J.M.,
 Deng, J.M., Goldsmith, A.D., Lee, J.M., Onders, C.S., Quach, H.L.,
 Tang, C.C., Toriumi, M., Wu, H.C., Yamamura, Y., Yu, G., Bowser, L.,
 Carninci, P., Chen, H., Cheuk, R., Hayashizaki, Y., Ishida, J.,
 Jones, T., Kamiya, A., Karlin-Neumann, G., Kawai, J., Kim, C., Lam, B.,
 Lin, J., Meyers, M.C., Miranda, M., Narusaka, M., Nguyen, M., Palm, C.J.,
 Sakurai, T., Satou, M., Seki, M., Shim, P., Southwick, A.,
 Shinzaki, K., Davis, R.W., Ecker, J.R. and Theologis, A.
 Direct Submission
 Submitted (19-FEB-2002) Plant Gene Expression Center, 800 Buchanan
 Street, Albany, CA 94710, USA
 RIKEN Genomic Sciences Center (GSC) members carried out the
 collection and clustering of RAFL cDNAs (RAFL cDNA: 'RIKEN
 Arabidopsis Full-length cDNA'). Seki, M., Narusaka, M., Ishida, J.,
 Satou, M., Kamiya, A., Sakurai, T., Carninci, P., Kawai, J.,
 Hayashizaki, Y. and Shinzaki, K.

The Salk, Stanford, PGEC (SSP) Consortium members carried out the
 sequencing and annotation of the RAFL cDNAs: Yamaoka, K., Ban, J.,
 Chan, M.M., Chang, C.H., Chang, E., Dale, J.M., Deng, J.M.,

Db 1274 TGTAAAAGAAACAGAGGTGGCAGATGGTCTTGTCTTAGAAGAAAGCTCATCAACATT 1333
 Qy 1321 AGGCGTACTCTGATTTGTTTGAATCCGACCTGATGACCTTGTACATAGTCTCACT 1380
 Db 1334 AGGGGATCTCTGATTTGTTTGAATCCGACCTGATGACCTTGTACATAGTCTCACT 1393
 Qy 1381 TGGCATCCGATGAGAAATGATCTTCTGATGAGAGGTGAAAGAGAGCCCGGATCAAA 1440
 Db 1394 TGGCATCCGATGAGAAATGATCTTCTGATGAGAGGTGAAAGAGAGCCCGGATCAAA 1453
 Qy 1441 TGTATCTTACAGAGGTGATCACTGATGACATTCAGAGACTGTGGGGGTAAATCTCAT 1500
 Db 1454 TGTATCTTACAGAGGTGATCACTGATGACATTCAGAGACTGTGGGGGTAAATCTCAT 1513
 Qy 1501 TGGATCTGATCTTCAAGAGAAAGATTCCTGATTTGCTTAAGCTTATGACCTTATGCA 1560
 Db 1514 TGGATCTGATCTTCAAGAGAAAGATTCCTGATTTGCTTAAGCTTATGACCTTATGCA 1573
 Qy 1561 TCTTGTATCCCAAGAGAGAAACAAGCTTGTACTCAGATTAATAAATACTACAAATAAT 1620
 Db 1574 TCTTGTATCCCAAGAGAGAAACAAGCTTGTACTCAGATTAATAAATACTACAAATAAT 1633
 Qy 1621 CCTGTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1680
 Db 1634 CCTGTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1693
 Qy 1681 GATATGAGCAAGAGCAATGATTTCTGATGCAAGAGTGAATCTATCCAGACCTGTATGTC 1740
 Db 1694 GATATGAGCAAGAGCAATGATTTCTGATGCAAGAGTGAATCTATCCAGACCTGTATGTC 1753
 Qy 1741 GATGAGAAACCTTCTTGTGCAATGAGATCTAGAGCAAGATGCTGTATGATGATGAT 1800
 Db 1754 GATGAGAAACCTTCTTGTGCAATGAGATCTAGAGCAAGATGCTGTATGATGATGAT 1813
 Qy 1801 TTTTGTCTGATGAGCAATGAGATCACTTGTATGAGTGAACCAAGGCAAGTAAATGATCT 1860
 Db 1814 TTTTGTCTGATGAGCAATGAGATCACTTGTATGAGTGAACCAAGGCAAGTAAATGATCT 1873
 Qy 1861 GAAATATCCAGAGAGCAAGGATTCATCAATGATGATGCTGTCAGAGCTTGCATGTTGA 1920
 Db 1874 GAAATATCCAGAGAGCAAGGATTCATCAATGATGATGCTGTCAGAGCTTGCATGTTGA 1933
 Qy 1921 AGTGTGAGAGAGCTTATGAGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1980
 Db 1934 AGTGTGAGAGAGCTTATGAGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1993
 Qy 1981 AGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2040
 Db 1994 AGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2053
 Qy 2041 CGCTGCTGTGTTCCACAAAGCAGACCAAGATTTTCAGATGTTTCCGATTTGATGATG 2100
 Db 2054 CGCTGCTGTGTTCCACAAAGCAGACCAAGATTTTCAGATGTTTCCGATTTGATGATG 2113
 Qy 2101 TGCAGAGGTGGGGGTAAAGCAGGCGCAGATTCATGCTGCTGATCGGGGTCCGAAAG 2160
 Db 2114 TGCAGAGGTGGGGGTAAAGCAGGCGCAGATTCATGCTGCTGATCGGGGTCCGAAAG 2173
 Qy 2161 ATTACTTACAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2220
 Db 2174 ATTACTTACAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2233
 Qy 2221 AATTGTTTACCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2280
 Db 2234 AATTGTTTACCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2293
 Qy 2281 TTTTGTATTTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2340
 Db 2294 TTTTGTATTTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2353
 Qy 2341 TCTCTGCTTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACT 2400
 Db 2354 TCTCTGCTTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACT 2413

Qy 2401 CTCGCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2460
 Db 2414 CTCGCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2473
 Qy 2461 ACCACTTATGCTTCTCTCATTAAGATGATGAAAGAACTTTAATTAAGCTTCTTCTTGTCA 2520
 Db 2474 ACCACTTATGCTTCTCTCATTAAGATGATGAAAGAACTTTAATTAAGCTTCTTCTTGTCA 2533
 Qy 2521 TTGTAAGTACTTACACTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2571
 Db 2534 TTGTAAGTACTTACACTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2584

RESULT 3
 ATRP5CS
 locus 2571 bp mRNA linear PLN 07-FEB-1999
 DEFINITION Arabidopsis thaliana mRNA for delta1-pyrroline-5-carboxylate synthase, complete cds.
 ACCESSION D32138.1 GI:1532270
 VERSION D32138
 KEYWORDS ATRP5CS; delta1-pyrroline-5-carboxylate synthetase.
 SOURCE Arabidopsis thaliana (chale cress)
 ORGANISM Arabidopsis thaliana
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots; rosids; eurosids II; Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsis.
 YOSHIDA, Y., KIYOSUE, T., KATAGIRI, T., UEDA, H., MISOUCHI, T., YAMAGUCHI, S., SHINOZAKI, K., MADA, K., HARADA, Y. and SHINOZAKI, K.
 1 (bases 1 to 2571)
 Correlation between the induction of a gene for delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthetase and the accumulation of proline in Arabidopsis thaliana under osmotic stress
 Plant J. 7 (5), 751-760 (1995)
 JOURNAL 95291335
 MEDLINE 7773306
 PUBMED 2 (bases 1 to 2571)
 YOSHIDA, Y.
 Direct Submission
 Submitted (12-JUL-1994) Yohsu Yoshida, Hitachi Ltd., Advanced Research Laboratory, Hatoyama, Hiki-gun, Saitama 350-03, Japan (Tel:0492-96-6111, Fax:0492-96-6006)
 On Sep 12, 1996 this sequence version replaced gi:938020.
 COMMENT Location/Qualifiers
 FEATURES
 source 1..2571
 /organism="Arabidopsis thaliana"
 /mol_type="mRNA"
 /strain="Columbia"
 /db_xref="taxon:3702"
 1..2571
 /gene="ATP5CS"
 107..2260
 /gene="ATP5CS"
 /function="proline biosynthesis"
 /codon_start=1
 /product="delta1-pyrroline-5-carboxylate synthetase"
 /protein_id="BA06864.1"
 /db_xref="GI:938021"
 /translation="MEEEDSRAPRDVIRIVVGVAVVYVNGKGRILAGLAFEG LAELNSDGFKIVLVSSGAVGIGRQRLKRLQVNSFPADLQEPDELGGKARAGGSS LMAVETWFDLDVTAQGLVNDSSFRDQKRLQVNSKMDLRYIPLFENDALIS TRRAYQSSGIFWDDSLALALAEKADLLILSDVEGLYTPSPDPSKLIHTVY KEKHDEYTFPDKSRLGRGWTAVKAAVNAVYGIPIVITSGVSAKIDVLEAGLV GTLPHQDARLWAPIFDSNARMVAARSSKDLALSSEDRKILLIDALAEAVTT IKAEHLDAASAQAGLEESVAVRLVWTPGKISLASVRLADMEPIGRVLTKEVY ADGVLERTSSPLGTLIVPESRPDAVVOIASLIRGNGLLKGGEARSNALIKK VITDAIPETVGGKLIQPTVTSREELPDLLKDDVLDVLPRESNGLVQIKRTTICPUL GHADGICHVYVDAKCDTDMARKIVSDALDYPAKCMWETLLVHKDLQSNVLELF ALQNSGVTLVGGPRASKILINIPARSFHEYCARACVVEEDVYGAIDITHRGSAL TDCIVTEHDEVAELFLRQVDSAAVAFHNASFSGFFGLGAEVSGTGIYVAGPVG VEGLLTTRWIKRGKQVVDGNGIYVTHQDIPQA"
 2446..2451
 /gene="ATP5CS"

polyA_signal

polYA_site /note="putative"
2571
/gene="ATP5CS"

Query Match 99.6%; Score 2561.4; DB 8; Length 2571;
Best Local Similarity 99.8%; Pred. No. 0;
Matches 2565; Conservative 0; Mismatches 6; Indels 0; Gaps 0;

ORIGIN

1 CGAATATATATTTCTTACCTTAATAACGACGCTCTCACTAGTCCGACTCAGTTAAC 60
1 CCGATATATATTTCTTACCTTAATAACGACGCTCTCACTAGTCCGACTCAGTTAAC 60
61 TCGTTCCTCTCTGT 120
61 TCGTTCCTCTCTGT 120
121 TCGTTCAGGCTGCTTTGCGAGAGACGTCAACGTAATCGCTTAAGTTGGAGACAGACT 180
121 TCGTTCAGGCTGCTTTGCGAGAGACGTCAACGTAATCGCTTAAGTTGGAGACAGACT 180
181 TGTTCATGAAAAAGGTGAAGAATGGCTCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 240
181 TGTTCATGAAAAAGGTGAAGAATGGCTCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 240
241 TGGGAATTAATCTCGGATGGAATTTGAAGTGAATTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 300
241 TGGGAATTAATCTCGGATGGAATTTGAAGTGAATTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 300
301 TGGCAGGCAAAAGGCTTGTATGCAATTTGCAATGACAGCTTTGGGATCTTCAAGAA 360
301 TGGCAGGCAAAAGGCTTGTATGCAATTTGCAATGACAGCTTTGGGATCTTCAAGAA 360
361 GCTTCAGACTGAACTTGATGGAAGGCTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 420
361 GCTTCAGACTGAACTTGATGGAAGGCTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 420
421 TTAATGAGAGCTATGTTGACAGAGCTGATGACAGAGCTCACTTGTGTGTGTGTGTGT 480
421 TTAATGAGAGCTATGTTGACAGAGCTGATGACAGAGCTCACTTGTGTGTGTGTGTGT 480
481 CAGTATGTTGAGAGCAAGATTTGAGAGCACTTAATGAACCTGTCAAGTCTATGCT 540
481 CAGTATGTTGAGAGCAAGATTTGAGAGCACTTAATGAACCTGTCAAGTCTATGCT 540
541 TGAATGAGGCTATTCGATTTTCAATGAGATGATGCTATTAAGACCCGAAAGCCGC 600
541 TGAATGAGGCTATTCGATTTTCAATGAGATGATGCTATTAAGACCCGAAAGCCGC 600
601 AATTCAGATCTTCTGTGTAATTTTCTGGGATAACGATAGCTTACTCTCTATCTGCGTT 660
601 AATTCAGATCTTCTGTGTAATTTTCTGGGATAACGATAGCTTACTCTCTATCTGCGTT 660
661 GGAACGAAAGCTGATCTTCTGATTTCTTGAGCGAGTTGAAGCTTTTACACAGGCC 720
661 GGAACGAAAGCTGATCTTCTGATTTCTTGAGCGAGTTGAAGCTTTTACACAGGCC 720
721 TCCAGTGAATCTTCACTCAAAAGTTGATCCACTTTTGTAAAGAAAAATCAAGATGA 780
721 TCCAGTGAATCTTCACTCAAAAGTTGATCCACTTTTGTAAAGAAAAATCAAGATGA 780
781 GATTAATCTTGGGAGCAAAATCAAGATTAGGAGAGGGGATGATGCTGCAAAAGTCAAGC 840
781 GATTAATCTTGGGAGCAAAATCAAGATTAGGAGAGGGGATGATGCTGCAAAAGTCAAGC 840
841 TGAAGTCAATGACGCTTATGCTGTGGAATTCCTGTCAATCAACAGGGGATTTACGCTGA 900
841 TGAAGTCAATGACGCTTATGCTGTGGAATTCCTGTCAATCAACAGGGGATTTACGCTGA 900
901 GAACTGATGATGATGCTCTGAGAGACTAGCTGTGTGAACTTGTTCATCAAGATGCTCG 960
901 GAACTGATGATGATGCTCTGAGAGACTAGCTGTGTGAACTTGTTCATCAAGATGCTCG 960

961 TTTATGGGCTCCGATCAAGATTTCTATGCTGTGACATGGCAGTTGCTGGAGGGAAAG 1020
961 TTTATGGGCTCCGATCAAGATTTCTATGCTGTGACATGGCAGTTGCTGGAGGGAAAG 1020
1021 TTTCAAGAAAGCTTCAAGGCTTATCTTGGAGAGACAGAAAAAATTTCTGTGATATTC 1080
1021 TTTCAAGAAAGCTTCAAGGCTTATCTTGGAGAGACAGAAAAAATTTCTGTGATATTC 1080
1081 CGATGCCCTTGAAGCAAAATGTTACTACATCAAGCTGAATGGAATGATGATGCTTC 1140
1081 CGATGCCCTTGAAGCAAAATGTTACTACATCAAGCTGAATGGAATGATGATGCTTC 1140
1141 TGAACAAGAGGCTGGGTGGAAGATGATGAGGCTGCTAGTTATGACACCTGAAA 1200
1141 TGAACAAGAGGCTGGGTGGAAGATGATGAGGCTGCTAGTTATGACACCTGAAA 1200
1201 GATCTGAGGCTTGCAGCTTCAAGTTGTAAGCTGATGATGGAAGATCCAAATGCGCG 1260
1201 GATCTGAGGCTTGCAGCTTCAAGTTGTAAGCTGATGATGGAAGATCCAAATGCGCG 1260
1261 TGTTTTAAAGAAAAAGAGGTGGAGATGCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1320
1261 TGTTTTAAAGAAAAAGAGGTGGAGATGCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1320
1321 AGGCGTACTTCTGATTTGTTGAATCCCGACCTGATGACTTGTACAGATAGCTTCACT 1380
1321 AGGCGTACTTCTGATTTGTTGAATCCCGACCTGATGACTTGTACAGATAGCTTCACT 1380
1381 TGCATCTCGTATGGAATGCTTTTCTGTGAAAGGTGGAAGAGAGCCCGGATCAAA 1440
1381 TGCATCTCGTATGGAATGCTTTTCTGTGAAAGGTGGAAGAGAGCCCGGATCAAA 1440
1441 TGCATCTCGTATGGAATGCTTTTCTGTGAAAGGTGGAAGAGAGCCCGGATCAAA 1500
1441 TGCATCTCGTATGGAATGCTTTTCTGTGAAAGGTGGAAGAGAGCCCGGATCAAA 1500
1501 TGAATCTGACTTCAAGAGAGATTCCTGATTTGCTTAAGCTTGTATGATGCA 1560
1501 TGAATCTGACTTCAAGAGAGATTCCTGATTTGCTTAAGCTTGTATGATGCA 1560
1561 TCTTGTGATCCCAAGAGGAGAGCAAGAGCTTGTATCTCAATTAATAATCTACAAAAT 1620
1561 TCTTGTGATCCCAAGAGGAGAGCAAGAGCTTGTATCTCAATTAATAATCTACAAAAT 1620
1621 CCTGTGCTAGTCAATGCTGATGAAATCTGTCAATGATGATGCAAGAGCTTGTATG 1680
1621 CCTGTGCTAGTCAATGCTGATGAAATCTGTCAATGATGATGCAAGAGCTTGTATG 1680
1681 GGAATGAGCAAGCGCATAGTTTCTGATGCAAGTTGGAATGCAAGAGCTTGTATG 1740
1681 GGAATGAGCAAGCGCATAGTTTCTGATGCAAGTTGGAATGCAAGAGCTTGTATG 1740
1741 GATGAAAGCTTCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1800
1741 GATGAAAGCTTCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1800
1801 TTTTGTCTGAGAGCAAGTGAATCACTTTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1860
1801 TTTTGTCTGAGAGCAAGTGAATCACTTTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1860
1861 GAACTATCCAGAGAGAGAGCTTCAATCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1920
1861 GAACTATCCAGAGAGAGAGCTTCAATCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1920
1921 AGTGTGAGAAAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1980
1921 AGTGTGAGAAAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1980
1981 AGACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2040
1981 AGACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2040
2041 CGCTGTGTGTTCACAAAGCCGAGCAAGATTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATG 2100

Db 601 ATTCTTCTGTAATTTCTGGAGTAACGATAGCTTACGCTGCTCTACCTGGCTGGAACTGA 660
 Qy 669 AAGCTGATCTTCTGATTTCTTGAAGCATGTTGAAGGCTTTTACACAGGCTCCCAAGT 728
 Db 661 AAGCTGATCTTCTGATTTCTTGAAGCATGTTGAAGGCTTTTACACAGGCTCCCAAGT 720
 Qy 729 ATCTTAAGTCAAGTTCATCACTTTTGTAAAGAAAACATCAAGATGAGATTACAT 788
 Db 721 ATCTTAAGTCAAGTTCATCACTTTTGTAAAGAAAACATCAAGATGAGATTACAT 780
 Qy 789 TCGGCGCAAAATCAAGATTAGGAGAGGAGGATGATCTGCAAAAGTCAAAAGTCAAGTCA 848
 Db 781 TCGGCGCAAAATCAAGATTAGGAGAGGAGGATGATCTGCAAAAGTCAAAAGTCAAGTCA 840
 Qy 849 ATGAGCTTAATGCTGGGATTCCTGATCACTAACAGTGGGATTCAGATGAGAACTATG 908
 Db 841 ATGAGCTTAATGCTGGGATTCCTGATCACTAACAGTGGGATTCAGATGAGAACTATG 900
 Qy 909 ATAAAGTCTCAAGAGCACTAGTGTGGAACCTTGTTCATCAAGATGCTGCTTTATGAG 968
 Db 901 ATAAAGTCTCAAGAGCACTAGTGTGGAACCTTGTTCATCAAGATGCTGCTTTATGAG 960
 Qy 969 CTCGATCAAGATTTCTAATGCTGTCGACATGAGCACTGTCGAGAGGAAAGTTCCAGA 1028
 Db 961 CTCGATCAAGATTTCTAATGCTGTCGACATGAGCACTGTCGAGAGGAAAGTTCCAGA 1020
 Qy 1029 AGCTTCAGGCTTATCTTGGAGAGACAGAAAAAATTCGCTGATATGCGATGCGATCC 1088
 Db 1021 AGCTTCAGGCTTATCTTGGAGAGACAGAAAAAATTCGCTGATATGCGATGCGATCC 1080
 Qy 1089 TTGAAGCAATGTTACTACATCAATCAAACTGAGATGATGATGATGATGATGATGATG 1148
 Db 1081 TTGAAGCAATGTTACTACATCAATCAAACTGAGATGATGATGATGATGATGATGATG 1140
 Qy 1149 AGCTGGGTTGAAGAGTCAATGATGCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1208
 Db 1141 AGCTGGGTTGAAGAGTCAATGATGCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1200
 Qy 1209 GCTTCAGCTTCAATGCTTGAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1268
 Db 1201 GCTTCAGCTTCAATGCTTGAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1260
 Qy 1269 AGAAAAAGAGGAGGAGAGTGTCTGTTAGAGAAAGACCTTATACCAATTAAGGGTAC 1328
 Db 1261 AGAAAAAGAGGAGGAGAGTGTCTGTTAGAGAAAGACCTTATACCAATTAAGGGTAC 1320
 Qy 1329 TTCTGATTTGTTTGAATCCCGACCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1388
 Db 1321 TTCTGATTTGTTTGAATCCCGACCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1380
 Qy 1389 GATGAGAAATGATCTTCTGCTGAAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 1448
 Db 1381 GATGAGAAATGATCTTCTGCTGAAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 1440
 Qy 1449 TACAGAGTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1508
 Db 1441 TACAGAGTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1500
 Qy 1509 TGACTTCAAGAGAGAGATTCCTGATTTGCTTAAGCTTGAAGCTTGAAGCTTGAAGCTT 1568
 Db 1501 TGACTTCAAGAGAGAGATTCCTGATTTGCTTAAGCTTGAAGCTTGAAGCTTGAAGCTT 1560
 Qy 1569 TCCCAAGAGAGAGAGAGAGCTTGTATCTCAGATTAATAAATATCTACAAAATCCCTGTGC 1628
 Db 1561 TCCCAAGAGAGAGAGAGAGCTTGTATCTCAGATTAATAAATATCTACAAAATCCCTGTGC 1620
 Qy 1629 TAGGTCAATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1688
 Db 1621 TAGGTCAATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1680
 Qy 1689 CAAGCCATGATTTCTGATGAGAAAGTTGATCTATCCAGAGCTGTAATGCAATGGAAA 1748

Db 1681 CAAGCCATGATTTCTGATGAGAAAGTTGATCTATCCAGAGCTGTAATGCAATGGAAA 1740
 Qy 1749 CCCTTCTTGGATTAAGGATCTAGAGAGAAATGCTGATGATTAATGATTAATTTTGTCTC 1808
 Db 1741 CCCTTCTTGGATTAAGGATCTAGAGAGAAATGCTGATGATTAATGATTAATTTTGTCTC 1800
 Qy 1809 TGCAGAGCAATGAGATGATCTTTGTATGATGAGCAAGGCAAGTAAAGATGATGATGATG 1868
 Db 1801 TGCAGAGCAATGAGATGATCTTTGTATGATGAGCAAGGCAAGTAAAGATGATGATGATG 1860
 Qy 1869 CAGAGAGAGGATCTTCAACATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1928
 Db 1861 CAGAGAGAGGATCTTCAACATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1920
 Qy 1929 AAGAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1988
 Db 1921 AAGAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1980
 Qy 1989 TTGTGACAGAGATCAAGAAAGTTGACAGATATTCCTTCCGACAGTGAATAGGCTGCTG 2048
 Db 1981 TTGTGACAGAGATCAAGAAAGTTGACAGATATTCCTTCCGACAGTGAATAGGCTGCTG 2040
 Qy 2049 TGTTCACAAAGCCAGACAAAGATTCAGATGATTCAGATTTGATGATGATGATGATGATG 2108
 Db 2041 TGTTCACAAAGCCAGACAAAGATTCAGATGATTCAGATTTGATGATGATGATGATGATG 2100
 Qy 2109 TGGGGGTAAAGCAGGAGAGATTCATGCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2168
 Db 2101 TGGGGGTAAAGCAGGAGAGATTCATGCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2160
 Qy 2169 CAAGAGATGATTAATGAG 2228
 Db 2161 CAAGAGATGATTAATGAG 2220
 Qy 2229 AACCCATCAAGAGATTCATCCATCCAGCTTAAACAAAGCTTCGAGTGTCTGTTGTGA 2288
 Db 2221 AACCCATCAAGAGATTCATCCATCCAGCTTAAACAAAGCTTCGAGTGTCTGTTGTGA 2280
 Qy 2289 TTTGGTGAAGCTTGAAG 2348
 Db 2281 TTTGGTGAAGCTTGAAG 2340
 Qy 2349 TAGTACTCATCTCTATCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2408
 Db 2341 TAGTACTCATCTCTATCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2400
 Qy 2409 TGTAGGTGTTTGAATTTAGGTTAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2468
 Db 2401 TGTAGGTGTTTGAATTTAGGTTAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2460
 Qy 2469 GCTTGTGCTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2528
 Db 2461 GCTTGTGCTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2520
 Qy 2529 TACCTACATTTCTGATCTTATCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2571
 Db 2521 TACCTACATTTCTGATCTTATCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2563

RESULT 5
 ATP5CSGN
 LOCUS ATP5CSGN 2552 bp mRNA linear PLN 15-NOV-1997
 DEFINITION A. thaliana mRNA for pyruvate-5-carboxylate synthetase A.
 ACCESSION X86777
 VERSION X86777.1 GI:870865
 KEYWORDS p5csA gene; pyruvate-5-carboxylate synthetase A.
 SOURCE Arabidopsis thaliana (thale cress)
 ORGANISM Arabidopsis thaliana
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
 rosids; eurosids II; Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsie.
 REFERENCE 1
 AUTHORS Strizhov,N., Abraham,E., Okresz,L., Bliokling,S., Zilberstein,A.,

Schell, J., Koncz, C. and Szabados, L.
Differential expression of two P5CS genes controlling proline
accumulation during salt-stress requires ABA and is regulated by
ABA1, ABI1 and ABR2 in Arabidopsis
Plant J. 12 (3), 557-569 (1997)
JOURNAL
MEDLINE
98012527
PUBMED
9351242
REFERENCE
2 (bases 1 to 2552)
AUTHORS
Strizhov, N.
TITLE
Submitted (06-JUN-1995) N. Strizhov, Max-Planck-Inst. fuer
Zuechtungsforch., Carl-von-Linne-Weg 10, 50829 Koeln, FRG
JOURNAL

FEATURES

source

1..2552
location/Qualifiers
/organism="Arabidopsis thaliana"
/mol_type="mRNA"
/sub_species="ecotype Columbia"
/db_xref="taxon:3702"
/clone="c8-10"
/clone_11b="lambda-gt10"
/dev_stage="4 weeks seedlings"
1..2552
/gene="P5CSA"
73..2226
/gene="P5CSA"
/codon_start=1
/product="pyruvate-5-carboxylate synthetase A"
/protein_id="CA60446.1"
/db_xref="gi:870866"
/db_xref="GOA:P54887"
/db_xref="SWISS-PROT:P54887"
/translation="MEIDRSRAFRARIVKRVAVTVGKGRLLALGALCEQ
LAELNDFEVLIVSGAVGLRQLRQVNSFADLPKQTELDGKACAGVGS
LMAYETMDLDVLAQOLVNSFDRKQINTEGMLDRLVPIFNENDALS
TRAPYDSSGI FWNDSIALALELKADILLSPVEGLYSPSPDSKLIHPY
KERQDEITPDKSRIGRGNTAKYKAVNAYGIVITTSISANIDKVRGLRV
GTLPHQDLNAPITDSNARDVAARESSKQALSEDRKILLIDALNAYVT
IKANEDLVASQAGLEESVAVLWTPGISLASVRKLDLMEPIGRVAKTEV
ADGVLEKTSPLIVLIVPESRDALVQISLIRSGNGLKGEARSNALIK
VITDAIPEVGGKLGIVTSREIPDLKLDVLDIVIPRGNLVTQIKTKKIPV
GHADGICHVYDVKCDTDMARKIVSDANLADVPACNMETLVKDLKONAVNELIF
ALDSNGVTVGGPRASAKTINPEARSFHEVCARACTVVEVDYGAIDITHHGSNH
TDCVTEDEHVAELFLROYDSAAVFNHASTRSDGFRFGAEBVSGTGRIHARGPV
VEGLITRWIRKGGQVVDGNGIVYTHODIPQA"

ORIGIN

Query Match 98.7% Score 2537; DB 8; Length 2552;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 2537; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 35 GCTTCACTGAGTCGACCTCACTTAACTGCTCTCTCTGTGTGTGTTGGTAAACG 94
Db 1 GCTTCACTGAGTCGACCTCACTTAACTGCTCTCTCTGTGTGTGTTGGTAAACG 60
QY 95 ACGAGAGATATATGAGAGAGCTAGATGCTTCAAGTCTTTGCGAGAGAGCTGAACG 154
Db 61 ACGAGAGATATATGAGAGAGCTAGATGCTTCAAGTCTTTGCGAGAGAGCTGAACG 120
QY 155 ATGCTGCTTAAAGTTGGAGACAGCACTTGTACTGTGAAAAGGTGAAGAATGGCTTGGT 214
Db 121 ATGCTGCTTAAAGTTGGAGACAGCACTTGTACTGTGAAAAGGTGAAGAATGGCTTGGT 180
QY 215 CGTTTAAAGAGCACTGTGGAACAGCTTGGGAAATTAACCTGGATGATTTGAGGTATA 274
Db 181 CGTTTAAAGAGCACTGTGGAACAGCTTGGGAAATTAACCTGGATGATTTGAGGTATA 240
QY 275 TTGATGATCATCTGATGCGGTGTGCTTGTGCAAGGCAAGAGCTTGGTATCAACAATTATGC 334
Db 241 TTGATGATCATCTGATGCGGTGTGCTTGTGCAAGGCAAGAGCTTGGTATCAACAATTATGC 300
QY 335 AATAGCAGCTTTGGCGATCTTTCAAGAGCTCAGATCTGAACCTTGATGGAGAGCTTTGTGCT 394
Db 301 AATAGCAGCTTTGGCGATCTTTCAAGAGCTCAGATCTGAACCTTGATGGAGAGCTTTGTGCT 360

QY 395 GGTGTTGGAACAAGAGAGCTTATGCTTACTATAGACTATGTTGACGAGCTGATGTG 454
Db 361 GGTGTTGGAACAAGAGAGCTTATGCTTACTATAGACTATGTTGACGAGCTGATGTG 420
QY 455 ACGGAGCTCACTCTGTGATGATGACAGTATGTTTACAGACAAAGATTTGAGAGACAA 514
Db 421 ACGGAGCTCACTCTGTGATGATGACAGTATGTTTACAGACAAAGATTTGAGAGACAA 480
QY 515 CTTAATGAACCTGTCAAGCTTATGCTTATGTTGAGGCTTATCCAAATTTCAATGAGAT 574
Db 481 CTTAATGAACCTGTCAAGCTTATGCTTATGTTGAGGCTTATCCAAATTTCAATGAGAT 540
QY 575 GATGCTAATAGACACCGAAGAGCCCATATGAGATCTTCTGTGATATTTTGTGGATTAAC 634
Db 541 GATGCTAATAGACACCGAAGAGCCCATATGAGATCTTCTGTGATATTTTGTGGATTAAC 600
QY 635 GATGCTAATAGCTGCTCTAATGCTGCTGGAAGCTGAAAGCTGATCTTGTATTTCTGAGC 694
Db 601 GATGCTAATAGCTGCTCTAATGCTGCTGGAAGCTGAAAGCTGATCTTGTATTTCTGAGC 660
QY 695 GATGTTGAAGCTCTTATACAGAGGCGCTCAAGTGTATCTTAATCTGAAGTGTGACACT 754
Db 661 GATGTTGAAGCTCTTATACAGAGGCGCTCAAGTGTATCTTAATCTGAAGTGTGACACT 720
QY 755 TTTGTTAAAGAAAACATCAAGATGATTAATTCAGGCGACAAATCAAGATTAAGAGAGA 814
Db 721 TTTGTTAAAGAAAACATCAAGATGATTAATTCAGGCGACAAATCAAGATTAAGAGAGA 780
QY 815 GGGGGATATACCTGCAAAAGTCAAGCTGACATGACCTTATGCTGGATTCCTGTC 874
Db 781 GGGGGATATACCTGCAAAAGTCAAGCTGACATGACCTTATGCTGGATTCCTGTC 840
QY 875 ATCATTAACAGAGGATTAATCAAGCTGAGAAACATAGATTAAGTCTGAGAGACTAGCTGT 934
Db 841 ATCATTAACAGAGGATTAATCAAGCTGAGAAACATAGATTAAGTCTGAGAGACTAGCTGT 900
QY 935 GGAACCTGTTTCAACAGATCTCTGTTATGAGGCTCCGATCAAGATTTCAATCTGCT 994
Db 901 GGAACCTGTTTCAACAGATCTCTGTTATGAGGCTCCGATCAAGATTTCAATCTGCT 960
QY 995 GACATGAGAGCTGCTGCGAGAGGAAAGTTCAGAAAGCTTCAGGCTTATCTTCCGAGAGC 1054
Db 961 GACATGAGAGCTGCTGCGAGAGGAAAGTTCAGAAAGCTTCAGGCTTATCTTCCGAGAGC 1020
QY 1055 AGGAAAAAAATTCGCTTATATGTCGATGTCGATGTCGATGTCGATGTCGATGTCGATG 1114
Db 1021 AGGAAAAAAATTCGCTTATATGTCGATGTCGATGTCGATGTCGATGTCGATGTCGATG 1080
QY 1115 GCTGAGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1174
Db 1081 GCTGAGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1140
QY 1175 GCTGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1234
Db 1141 GCTGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1200
QY 1235 GCTGATATGAGAGATCAATGCGCGGTGTTTAAAGAAAACAGAGTGGCAATGCTGCTT 1294
Db 1201 GCTGATATGAGAGATCAATGCGCGGTGTTTAAAGAAAACAGAGTGGCAATGCTGCTT 1260
QY 1295 GCTTGAAGAGAGCTCATCAATTAAGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1354
Db 1261 GCTTGAAGAGAGCTCATCAATTAAGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1320
QY 1355 GATGCACTTGAACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1414
Db 1321 GATGCACTTGAACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1380
QY 1415 GGTGGAAGAGAGGCGGCGATCAATGCTATCTTACAAAGTGTATCACTAGTCAATTT 1474
Db 1381 GGTGGAAGAGAGGCGGCGATCAATGCTATCTTACAAAGTGTATCACTAGTCAATTT 1440

Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
 Matches 2185; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

107 ATGGAGAGCTAGATCGTTCAAGTCTTTTCCAGAGACGTCAACGATCGTGTAG 166
 1 ATGGAGAGCTAGATCGTTCAAGTCTTTTCCAGAGACGTCAACGATCGTGTAG 60

167 GTTGGAGACAGATTTGTTACTGGAAGAGTGGAGATTTGGCTTGTCTTGAAGCA 226
 61 GTTGGAGACAGATTTGTTACTGGAAGAGTGGAGATTTGGCTTGTCTTGAAGCA 120

227 CTGTGTGAACAGCTTGCAGAAATTAACCTCGATGATTTGAGTGAATTTGTCTATCT 286
 121 CTGTGTGAACAGCTTGCAGAAATTAACCTCGATGATTTGAGTGAATTTGTCTATCT 180

287 GGTGGGTTGATCTTTGGAGGCAAGGCTTGTATGACAAATTAATGATAGAGCTTT 346
 181 GGTGGGTTGATCTTTGGAGGCAAGGCTTGTATGACAAATTAATGATAGAGCTTT 240

347 GCGGATCTTCAGAAAGCTCAGACTGAATTTGATGGAAAGGCTTGTGTGTGACAA 406
 241 GCGGATCTTCAGAAAGCTCAGACTGAATTTGATGGAAAGGCTTGTGTGTGACAA 300

407 AGCAGCTTATGCTTACTATGAGACTATGTTTGAACAGCTTGTGAGGAGCTCAA 466
 301 AGCAGCTTATGCTTACTATGAGACTATGTTTGAACAGCTTGTGAGGAGCTCAA 360

467 CTTGTGTGATGACAGATTTTGAAGACAGATTTGAGGAGCACTTAAATGAAT 526
 361 CTTGTGTGATGACAGATTTTGAAGACAGATTTGAGGAGCACTTAAATGAAT 420

527 GTCAAGCTATGCTTATGAGGCTTATCCAAATTTCAATGAGAAATGATATTAGC 586
 421 GTCAAGCTATGCTTATGAGGCTTATCCAAATTTCAATGAGAAATGATATTAGC 480

587 ACCGGAAGAGCCCATATCAAGATTTCTTGTGTATTTCTGGATTAACGATAGCT 646
 481 ACCGGAAGAGCCCATATCAAGATTTCTTGTGTATTTCTGGATTAACGATAGCT 540

647 GCTCTACTGGGTTGGAAGTGAAGCTGATCTTGTGATTTCTTGAAGATTTGAAGT 706
 541 GCTCTACTGGGTTGGAAGTGAAGCTGATCTTGTGATTTCTTGAAGATTTGAAGT 600

707 CTTTACAGAGCCCTCCAGATGATCTTAACTCAAGTTGATCCACCTTTTGTAAAGAA 766
 601 CTTTACAGAGCCCTCCAGATGATCTTAACTCAAGTTGATCCACCTTTTGTAAAGAA 660

767 AAACATCAAGATGATTTACATTTGGGCGCAAAATTCAGATTTAGGAGAGGGGATAC 826
 661 AAACATCAAGATGATTTACATTTGGGCGCAAAATTCAGATTTAGGAGAGGGGATAC 720

827 GCAAAAGTCAAGAGTGCAGTCAATGAGCTTATGCTGGATTTCTGTCAATCAACAGT 886
 721 GCAAAAGTCAAGAGTGCAGTCAATGAGCTTATGCTGGATTTCTGTCAATCAACAGT 780

887 GGGATTTAGCTGAGAAATTAATTAATCTCTCAAGAGCTTGTGAACTTGTGTT 946
 781 GGGATTTAGCTGAGAAATTAATTAATCTCTCAAGAGCTTGTGAACTTGTGTT 840

947 CATCAAGATGCTGTTTATGAGGCTCCGATCAAGATTTCAATGCTGATGATGAGCTT 1006
 841 CATCAAGATGCTGTTTATGAGGCTCCGATCAAGATTTCAATGCTGATGATGAGCTT 900

1007 GCTGGAAGGAGAAAGTTCAGAAAGCTTCAAGCTTATCTTTCGAAAGACAGAAAAAATT 1066
 901 GCTGGAAGGAGAAAGTTCAGAAAGCTTCAAGCTTATCTTTCGAAAGACAGAAAAAATT 960

1067 CTGCTGTATTTGCGAGATGCTTGAAGCAATGTTACTAATCAATCAAGCTGAGATGAG 1126
 961 CTGCTGTATTTGCGAGATGCTTGAAGCAATGTTACTAATCAATCAAGCTGAGATGAG 1020

1127 TTAGATGATGCTTTCGACAAAGAGCTGGGTTGAGAGATCAATGATGCTGCTTATGTT 1186

1021 TTAGATGATGCTTTCGACAAAGAGCTGGGTTGAGAGATCAATGATGCTGCTTATGTT 1080
 1187 ATGACACCTGGAAAGATCTCCAGCTTGTGAGCTTCAATGCTGATGATGAGAA 1246
 1081 ATGACACCTGGAAAGATCTCCAGCTTGTGAGCTTCAATGCTGATGATGAGAA 1140

1247 GATCCATGAGGCTGTTTAAAGAAACAGAGTGGAGATGCTTGTCTTGAAGAG 1306
 1141 GATCCATGAGGCTGTTTAAAGAAACAGAGTGGAGATGCTTGTCTTGAAGAG 1200

1307 ACCATCAACATTAAGGCTTCTGATTTGTTTGAATCCGACCTGATGACCTTGT 1366
 1201 ACCATCAACATTAAGGCTTCTGATTTGTTTGAATCCGACCTGATGACCTTGT 1260

1367 CAGATGCTTCACTTGCATCCGTTGAGAAATGCTTCTTGTGAGAGGTTGAGAAAG 1426
 1261 CAGATGCTTCACTTGCATCCGTTGAGAAATGCTTCTTGTGAGAGGTTGAGAAAG 1320

1427 GCCCGGCGATCAAAATGCTATCTTACACAAAGTATCACTGATGCAATTCAGAGACT 1486
 1321 GCCCGGCGATCAAAATGCTATCTTACACAAAGTATCACTGATGCAATTCAGAGACT 1380

1487 GGGGGTAAATCAATGAGCTTGTGACTTCAAGAGAGATTTCTGATTTGTTAAGTT 1546
 1381 GGGGGTAAATCAATGAGCTTGTGACTTCAAGAGAGATTTCTGATTTGTTAAGTT 1440

1547 GATGAGCTATGATCTTGTGATCCAGAGAGCAACAGCTTGTACTCAGATTAATA 1606
 1441 GATGAGCTATGATCTTGTGATCCAGAGAGCAACAGCTTGTACTCAGATTAATA 1500

1607 AATACTCAAAATATCCCTGTGTAGTCAATGCTGATGCAATGCTGATGATGCTGAC 1666
 1501 AATACTCAAAATATCCCTGTGTAGTCAATGCTGATGCAATGCTGATGATGCTGAC 1560

1667 AAGGCTGTGATAGGATATGAGCAAGGCAATGCTTGTGATGCAAGTGAATGCA 1726
 1561 AAGGCTGTGATAGGATATGAGCAAGGCAATGCTTGTGATGCAAGTGAATGCA 1620

1727 GCAGCTGTATGATGATGAGAAACCTTCTTGTGCAATGATCTTGAAGAGATGCT 1786
 1621 GCAGCTGTATGATGATGAGAAACCTTCTTGTGCAATGATCTTGAAGAGATGCT 1680

1787 CTTAATGAGCTTATTTTGTCTGTCAGAGCAATGAGTCACTTGTATGATGAGCA 1846
 1681 CTTAATGAGCTTATTTTGTCTGTCAGAGCAATGAGTCACTTGTATGATGAGCA 1740

1847 GCAGTATGATCTGATCAATCAAGAGCAAGCTGATCAATCAATGATGATGCTGAG 1906
 1741 GCAGTATGATCTGATCAATCAAGAGCAAGCTGATCAATCAATGATGATGCTGAG 1800

1907 GCTTGCACTGTTGAAGTTGATGAGAGAGCTTATGCTGATGATGATGATGATGAT 1966
 1801 GCTTGCACTGTTGAAGTTGATGAGAGAGCTTATGCTGATGATGATGATGATGAT 1860

1967 GGGAGTGCACACAGAGCTGATGTCAGAGAGATCAAGAGTGCAGAGCTATTCCTT 2026
 1861 GGGAGTGCACACAGAGCTGATGTCAGAGAGATCAAGAGTGCAGAGCTATTCCTT 1920

2027 CGCAGATGATAGGCTGCTGTGTTCAACCGCAGACCAAGATTTCTGATGATGTTT 2086
 1921 CGCAGATGATAGGCTGCTGTGTTCAACCGCAGACCAAGATTTCTGATGATGTTT 1980

2087 CGATTTGATCTTGTGAGAGGTTGGGGTGAACAGGCGAGAGTCCATGCTGTGTGCA 2146
 1981 CGATTTGATCTTGTGAGAGGTTGGGGTGAACAGGCGAGAGTCCATGCTGTGTGCA 2040

2147 GTGCGGGTGAAGAGATTTCTTCAACAGAGATGATTAAGAGAGAAAGCAAGTTGTC 2206
 2041 GTGCGGGTGAAGAGATTTCTTCAACAGAGATGATTAAGAGAGAAAGCAAGTTGTC 2100

2207 GACGAGACAAATGAGATTTGTTACACCATTCAGAGCATTTCCATCCAGCTTAAACAGA 2266
 2101 GACGAGACAAATGAGATTTGTTACACCATTCAGAGCATTTCCATCCAGCTTAAACAGA 2160

DB 301 AGGAGCTTAAAGCTTAACTAGAGACTATGTTGACCACTTGTATGTACGCGACCTGAA 360
 QY 467 CTTCTGTGATGATGACGATGTTTAAAGACAGAGATTTTCAAGAGACAACTTAAATGAACT 526
 DB 361 CTTCTGTGATGATGACGATGTTTAAAGACAGAGATTTTCAAGAGACAACTTAAATGAACT 420
 QY 527 GTCAAGCTATGCTTGAATTTGAGGTTTATCCAAATTTTCAATGAGATGATGCTTATGAC 586
 DB 421 GTCAAGCTATGCTTGAATTTGAGGTTTATCCAAATTTTCAATGAGATGATGCTTATGAC 480
 QY 587 ACCCGAAGAGCCCAATATCAGATTTCTTGTGATTTTCTGGAGTAAAGATGCTTATGCT 646
 DB 481 ACCCGAAGAGCCCAATATCAGATTTCTTGTGATTTTCTGGAGTAAAGATGCTTATGCT 540
 QY 647 GCTCTACGCGCTTGAAGCTGAGAGCTGATCTTCTGATTTCTGAGGATGAGTGAAGGT 706
 DB 541 GCTCTACGCGCTTGAAGCTGAGAGCTGATCTTCTGATTTCTGAGGATGAGTGAAGGT 600
 QY 707 CTTTACACAGCCCTCCAGATGATCTTAACTCAAGTGTATGATCAACTTTTGTAAAGAA 766
 DB 601 CTTTACACAGCCCTCCAGATGATCTTAACTCAAGTGTATGATCAACTTTTGTAAAGAA 660
 QY 767 AAACATTAAGATGATTAATTCGCGGAGAAATCAAGATTAAGGAGAGGGGTATGACT 826
 DB 661 AAACATTAAGATGATTAATTCGCGGAGAAATCAAGATTAAGGAGAGGGGTATGACT 720
 QY 827 GCAAAAGTCAAGAGCTGATCAATGAGCTTATGCTGAGATTTCTGCTCACTTAAACAGT 886
 DB 721 GCAAAAGTCAAGAGCTGATCAATGAGCTTATGCTGAGATTTCTGCTCACTTAAACAGT 780
 QY 887 GGGTATTCAGCTGAGAAATATGATTAAGTCTTCAAGAGATCACTGTTGAACTTGT 946
 DB 781 GGGTATTCAGCTGAGAAATATGATTAAGTCTTCAAGAGATCACTGTTGAACTTGT 840
 QY 947 CATCAAGATGCTGTTATGAGGCTCCGATGACAGATTTCTGAGTCAATGAGCACTG 1006
 DB 841 CATCAAGATGCTGTTATGAGGCTCCGATGACAGATTTCTGAGTCAATGAGCACTG 900
 QY 1007 GCTGCGAGGAGAAAGTTTCAGAAAGCTTCAAGGCTTATCTTGGAGAACAGAAATTA 1066
 DB 901 GCTGCGAGGAGAAAGTTTCAGAAAGCTTCAAGGCTTATCTTGGAGAACAGAAATTA 960
 QY 1067 CTGCTGATATGTCGCAATGAGCTTGAAGCAATGTTATCTAATCAAGCTGAGATGAG 1126
 DB 961 CTGCTGATATGTCGCAATGAGCTTGAAGCAATGTTATCTAATCAAGCTGAGATGAG 1020
 QY 1127 TTAGATGATGCTTCTGCAAGAGGCTGGTGGAGAGTCAATGATGCTGCTTATGCT 1186
 DB 1021 TTAGATGATGCTTCTGCAAGAGGCTGGTGGAGAGTCAATGATGCTGCTTATGCT 1080
 QY 1187 ATGACACCTGGAAGATCTGAGGCTTGAAGCTTCACTTGTATGATGATGATGATGAA 1246
 DB 1081 ATGACACCTGGAAGATCTGAGGCTTGAAGCTTCACTTGTATGATGATGATGATGAA 1140
 QY 1247 GATCAATCGGCGCTGTTTAAAGAAACAGAGGTGACAGATGCTTGTCTTAAAGAA 1306
 DB 1141 GATCAATCGGCGCTGTTTAAAGAAACAGAGGTGACAGATGCTTGTCTTAAAGAA 1200
 QY 1307 ACCTCATACCATTAAGGCGTACTTCTGATTTGTTTGAATCCGACCTGATGACCTTGA 1366
 DB 1201 ACCTCATACCATTAAGGCGTACTTCTGATTTGTTTGAATCCGACCTGATGACCTTGA 1260
 QY 1367 CAGATAGCTTCACTTGGCATCGTAGTGAAGATGCTTCTGCTGAAAGGTTGAAGAGAG 1426
 DB 1261 CAGATAGCTTCACTTGGCATCGTAGTGAAGATGCTTCTGCTGAAAGGTTGAAGAGAG 1320
 QY 1427 GCCCGGCGATCAAAATGCTATCTTACACAGGTGATCTGATGCAATTCAGAGACTGTT 1486
 DB 1321 GCCCGGCGATCAAAATGCTATCTTACACAGGTGATCTGATGCAATTCAGAGACTGTT 1380
 QY 1487 GGGGGTAAACTCATTTGAGCTTGTGACTTCAAGAGAGAGATCTCTGATTTGCTTAAAGCTT 1546
 DB 1381 GGGGGTAAACTCATTTGAGCTTGTGACTTCAAGAGAGAGATCTCTGATTTGCTTAAAGCTT 1440

QY 1547 GATAGCTTATCGATCTGTGATCCCAAGAGAGAAAGCAAGCTTGTACTGAGATTA 1606
 DB 1441 GATAGCTTATCGATCTGTGATCCCAAGAGAGAAAGCAAGCTTGTACTGAGATTA 1500
 QY 1607 AATACTAACAAAATCCCTGTGCTAGGTCATGCTGATGAGATCTGTATGATGCTGAC 1666
 DB 1501 AATACTAACAAAATCCCTGTGCTAGGTCATGCTGATGAGATCTGTATGATGCTGAC 1560
 QY 1667 AAGCTTGTATGCGGTAATGCGAAGCGATGTTTCTGATGCAAGTGAAGTATGCA 1726
 DB 1561 AAGCTTGTATGCGGTAATGCGAAGCGATGTTTCTGATGCAAGTGAAGTATGCA 1620
 QY 1727 GCAGCTGTATGATGATGAGAAACCTTTCTTGTGATTAAGATCTAGAGCAAGTGTGT 1786
 DB 1621 GCAGCTGTATGATGATGAGAAACCTTTCTTGTGATTAAGATCTAGAGCAAGTGTGT 1680
 QY 1787 CTTAATAGCTTATTTTGTCTTGTGCAAGCAATGAGTCACTTTGTATGATGCAAG 1846
 DB 1681 CTTAATAGCTTATTTTGTCTTGTGCAAGCAATGAGTCACTTTGTATGATGCAAG 1740
 QY 1847 GCAAGTAAAGATTAAGTAACTAATCAAGAGCAAGCTTCAATCAAGATGATGCTGCAAG 1906
 DB 1741 GCAAGTAAAGATTAAGTAACTAATCAAGAGCAAGCTTCAATCAAGATGATGCTGCAAG 1800
 QY 1907 GCTTGCATCTGTAAGTGTGAAAGACCTTTATGCTGCTATGATCACTTACCGACAT 1966
 DB 1801 GCTTGCATCTGTAAGTGTGAAAGACCTTTATGCTGCTATGATCACTTACCGACAT 1860
 QY 1967 GGGAGTGACACACAGACTGATGATGAGAGAGATGAGAGATGAGAGATGAGAGATGCTT 2026
 DB 1861 GGGAGTGACACACAGACTGATGATGAGAGAGATGAGAGATGAGAGATGAGAGATGCTT 1920
 QY 2027 CGCCAGTGATAGCGCTGCTGTGTTTCACAGCGCAGCAAGATTTCTGATGCTTTC 2086
 DB 1921 CGCCAGTGATAGCGCTGCTGTGTTTCACAGCGCAGCAAGATTTCTGATGCTTTC 1980
 QY 2087 CGATTTGACCTGCTGACAGAGTGGGGTTAAGCAAGGCGAGATCCATGCTGCTGCTCA 2146
 DB 1981 CGATTTGACCTGCTGACAGAGTGGGGTTAAGCAAGGCGAGATCCATGCTGCTGCTCA 2040
 QY 2147 GTCCGGGTGCAAGATTAATTAACACAGATGATGATTAAGAGAGAAAGCAAGTGTCT 2206
 DB 2041 GTCCGGGTGCAAGATTAATTAACACAGATGATGATTAAGAGAGAAAGCAAGTGTCT 2100
 QY 2207 GACGAGACAAATGGAATTTTAAACCCATCAGAGCACTTCCCATCCAGCTTAA 2260
 DB 2101 GACGAGACAAATGGAATTTTAAACCCATCAGAGCACTTCCCATCCAGCTTAA 2154

RESULT 9
 AF314811 2551 bp mRNA linear PLN 06-FEB-2001

LOCUS Brassica napus delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthetase A mRNA,
 DEFINITION complete cds.

ACCESSION AF314811
 VERSION AF314811.1 GI:12667248

KEYWORDS
 SOURCE Brassica napus (rape)

ORGANISM Brassica napus
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;

Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
 rosids; eutroids II; Brassicales; Brassicaceae; Brassica.

REFERENCE 1 (bases 1 to 2551)
 Kang, Y.H. and Lee, S.Y.

TITLE Isolation of a gene encoding the delta 1-pyrroline-5-carboxylate
 synthetase A in Brassica napus

JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 2551)
 Kang, Y.H. and Lee, S.Y.

AUTHORS Direct Submission
 TITLE Submitted (19-OCT-2000) Lab. of Biochemistry, Graduate School of

JOURNAL Biotechnology, 1, 5-Ka, Anam-dong, Sungbuk-ku, Seoul 136-701,

Rep. of Korea
Location/Qualifiers
1..2551
/organism="Brassica napus"
/mol_type="mRNA"
/db_xref="taxon:3708"
94..2247
/note="Bnp5csl"
/codon_start=1
/product="delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthetase A"
/protein_id="AAK01360.1"
/db_xref="GI:12667249"
/translation="MELIDRSRAFADVKRIYKVGTAIVTGKGLALGRLGALCEQ
LAELNSDFEVLIVSGAVGLQRLQVNSPADLQKPEHEDGRACAVGSS
LMAVETMFDLVTAQLVNDSPKDFKQLENYKMLDLEVIPIFNDAIS
TRBAYODSSGIFMNDLSLAALALKEKDLILSDVGLYTGSPDPSNLHIFI
KEFHODEITRGDSRLRGDMTAKYVAVAAYAPVITSGYAAENIDKLKGRV
GTLPHODAPLMAPITDSYARDVAARBSRRLOALSSDRKILYSIDALEAKET
IRANELDVATVADQGLBSLVARLVTPKISLAASVRLKDGKAEARNALHK
ADGLVEKTSPLGLVIVESPDAIVQIASLIRSGNLKDGKAEARNALHK
VIDDALPEVVGKLIIGLVISREBIPLDKLDVIDVIRGSNKLVSQIKNTTKIPVL
GHADGICHVYVDRACAVDMALRIYSDAKLDYPAACANMELLVHQLQENAVLELIF
ALQNGVTVLGGPKAKILNIPARSFNEHYCSKATVEVEDVGVADHIRHGSAAH
TDCITVEDPEVALFLRQNDVAIVHNASVTRPSDGRFGAGAEVIGSTGRHARGVC
VEGLITTRMIRKGVVDGNGITTHODIPQA"

ORIGIN

Query Match 72.5%; Score 1864.6; DB 8; Length 2551;
Best Local Similarity 86.8%; Pred. No. 0;
Matches 2137; Conservative 0; Mismatches 279; Indels 45; Gaps 6;

QY 78 TGTGTTTGGTGAACAACAACAATATGAGAGCTAGTTCCTTCAAGCTTTTG 137
DB 65 TTGGAGAGAGTTTGGTAGCGGGGCAATGAGAGCTAGATCGTTCAGCGCTTTG 124
QY 138 CCAAGAGCTCAAACTGATCGTCTTAAAGTTGGGACAGAGTTGTTAATCGAAAGTG 197
DB 125 CTAAAGCGTCAACCGATCGCTTAAAGTTGGAACAGCTGTTGTAACCTGGAAAGTG 184
QY 198 GAAGATTGGCTCTTGGTCTTTAGAGCACTGTGTGAACAGCTTGGGAAATTAACCTGG 257
DB 185 GAAGATTGGCTCTTGGTCTTTAGAGCACTGTGTGAACAGCTTGGGAAATTAACCTGG 244
QY 258 ATGATTTGAGAGATATGCTGATCTGTGCGGTGCTTGGAGAGCAAGCTTC 317
DB 245 ATGATTTGAGAGATATGCTGATCTGTGCGGTGCTTGGAGAGCAAGCTTC 304
QY 318 GTTATGACAATATGATCAATAGCAGCTTTCGATCTTCAAGAGCTCAGACTGAAGCTTG 377
DB 305 GCTACAGACAGTATGATCAATAGCAGCTTTCGATCTTCAAGAGCTCAGACTGAAGCTTG 364
QY 378 ATGGAAAGGCTTGTGCTGTGTGGAACAAGCAGCTTATAGCTTACTATGAGACTATGT 437
DB 365 ATGGAAAGGCTTGTGCTGTGTGGAACAAGCAGCTTATAGCTTACTATGAGACTATGT 424
QY 438 TTGACCAAGCTTATGATGACAGCAGCTCACTTCTGGATGACAGATTTTGAAGACA 497
DB 425 TTGACCAAGCTTATGATGACAGCAGCTCACTTCTGGATGACAGATTTTGAAGACA 484
QY 498 AGGATTTCAAGAAAGCACTTAATGAACTGTCAAGTCTATGCTTGAATTTAGAGGTTATTC 557
DB 485 AGGATTTCAAGAAAGCACTTAATGAACTGTCAAGTCTATGCTTGAATTTAGAGGTTATTC 544
QY 558 CAATTTCAATGAGATGATGATTAAGACCCGGAAGAGCCCATATACAGGATTTCTTTCG 617
DB 545 CTATTTCAATGAGATGATGATTAAGACCCGGAAGAGCCCATATACAGGATTTCTTTCG 604
QY 618 GATATTTCTGGATTAACAGATAGCTTACTGCTTACTGAGCTTGAAGCTGAAGCTGATC 677
DB 605 GATATTTCTGGATTAACAGATAGCTTACTGCTTACTGAGCTTGAAGCTGAAGCTGATC 664
QY 678 TTTCGATTTCTTGAAGATTTGAAGCTTTTACAGAGGCTTCAAGGATCTTAACT 737

DB 665 TTTCGATTTCTTGAAGATTTGAAGCTTTTACACTGCGCCCTCAAGTACCTTAAT 724
QY 738 CAAGTTGATCCACACTTTTGTAAAGAAAACATCAAGATGAGATTAACATTTGGGGACA 797
DB 725 CAAGTTGATCCACACTTTTGTAAAGAAAACATCAAGATGAGATTAACATTTGGGGACA 784
QY 798 AATCAAGATTAAGGAGAGAGGATTAAGCTGCAAAAGCTCAAGCTCAGTCAATGACCTT 857
DB 785 AGTCAAGATTAAGGAGAGGATTAAGCTGCAAAAGCTCAGTCAATGACCTT 844
QY 858 ATGCTGGATTTCTGCTATCAATACAGTGGGTATTTAGCTGAGAAATAGATAAGTCC 917
DB 845 ATGCTGGATTTCTGCTATCAATACAGTGGGTATTTAGCTGAGAAATAGATAAGTCC 904
QY 918 TCAGAGAGCTAGCTTGGTGAAGCTTTGTTTCACTCAAGATGCTCTTTAGGCTCCATCA 977
DB 905 TTAGAGAGCTAGCTTGGTGAAGCTTTGTTTCACTCAAGATGCTCTTTAGGCTCCATCA 964
QY 978 CAGATTTCAATGCTCTGTCATCAATGCAAGTGTCTGCAAGGAAAGTTCCAGAAAGCTTCAAG 1037
DB 965 CGGATTTCAATGCTCTGTCATCAATGCAAGTGTCTGCAAGGAAAGTTCCAGAAAGCTTCAAG 1024
QY 1038 CCTTATCTTGGGAGAGACAGAAAAAATTCGCTTGAATTTGCCGATGCCCTTGAACAA 1097
DB 1025 CCTTATCTTGGGAGAGATGAGAGAGATCTGTATGATTCGAGATGCTCTTGAACAA 1084
QY 1098 ATGTTACTACATCAAACTGAGATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1157
DB 1085 ATGAGAAACATCAAGCTGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1144
QY 1158 TGAAGATCAATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1217
DB 1145 TGAAGATCAATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1204
QY 1218 CTTCAGTTCTGAGTACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1277
DB 1205 CTTCAGTTCTGAGTACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1264
QY 1278 AGGTGGCAGATGCTTCTTCTTAAAGAAAGCTTCAATCACTTAAGGGTACTTGAATG 1337
DB 1265 AGGTGGCAGATGCTTCTTCTTAAAGAAAGCTTCAATCACTTAAGGGTACTTGAATG 1324
QY 1338 TTTTGAATCCGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1397
DB 1325 TTTTGAATCCGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1384
QY 1398 ATGATCTTCTGCTGAAGGTTGAAAGAGGCTCCGAGATCAATGATCTATCTTACACAAG 1457
DB 1385 ATGATCTTCTGCTGAAGGTTGAAAGAGGCTCCGAGATCAATGATCTATCTTACACAAG 1444
QY 1458 TGAATCACTGATGCAATTCAGAGACTGTGGGGGTAAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1517
DB 1445 TGAATCACTGATGCAATTCAGAGACTGTGGGGGTAAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1504
QY 1518 GAGAAGATTCGATTTGCTTAAAGCTTGAAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1577
DB 1505 GAGAAGATTCGATTTGCTTAAAGCTTGAAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1564
QY 1578 GAAAGCAAGCTTGTACTAGATTAATAATACTACAAATAATCCCTGTGTAGTCAATG 1637
DB 1565 GAAAGCAAGCTTGTACTAGATTAATAATACTACAAATAATCCCTGTGTGTAGTCAATG 1624
QY 1638 CTGATGATCTGCTATATATGTCAGCAAGGCTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1697
DB 1625 CTGATGATCTGCTATATATGTCAGCAAGGCTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1684
QY 1698 TAGTTTCTGATGCAAGTGTGATCAATCCAGAGCTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1757
DB 1685 TAGTTTCTGATGCAAGTGTGATCAATCCAGAGCTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1744
QY 1758 TGCATTAAGATCTGAGAGAAAGCTGTGCTTAATGAGCTTAATTTGCTGTCAGAGCA 1817
DB 1745 TGCATTAAGATCTGAGAGAAAGCTGTGCTTAATGAGCTTAATTTGCTGTCAGAGCA 1804

1818 ATGAGTCACTTTGTATGTTGAGCAAGGCAAGTAACTGAAATACCAAGAGAC 1877
 1805 ATGAGTCACTTTGTATGTTGAGCAAGGCAAGTAACTGAAATACCAAGAGAC 1864
 1878 GGTCACTTCAACATGATGATGTCAGAGGCTTGCATGTTGAAGTTAGAGAGCTTT 1937
 1865 GGTCACTTCAACATGATGATGTCAGAGGCTTGCATGTTGAAGTTAGAGAGCTTT 1924
 1938 ATGAGTCACTTTGTATGTTGAGCAAGGCAAGTAACTGAAATACCAAGAGAC 1997
 1925 ATGAGTCACTTTGTATGTTGAGCAAGGCAAGTAACTGAAATACCAAGAGAC 1984
 1998 ATGAGTCACTTTGTATGTTGAGCAAGGCAAGTAACTGAAATACCAAGAGAC 2057
 1985 ATGAGTCACTTTGTATGTTGAGCAAGGCAAGTAACTGAAATACCAAGAGAC 2044
 2058 ATGAGTCACTTTGTATGTTGAGCAAGGCAAGTAACTGAAATACCAAGAGAC 2117
 2045 ATGAGTCACTTTGTATGTTGAGCAAGGCAAGTAACTGAAATACCAAGAGAC 2104
 2118 ATGAGTCACTTTGTATGTTGAGCAAGGCAAGTAACTGAAATACCAAGAGAC 2177
 2105 ATGAGTCACTTTGTATGTTGAGCAAGGCAAGTAACTGAAATACCAAGAGAC 2164
 2178 ATGAGTCACTTTGTATGTTGAGCAAGGCAAGTAACTGAAATACCAAGAGAC 2237
 2165 ATGAGTCACTTTGTATGTTGAGCAAGGCAAGTAACTGAAATACCAAGAGAC 2224
 2238 ATGAGTCACTTTGTATGTTGAGCAAGGCAAGTAACTGAAATACCAAGAGAC 2297
 2225 ATGAGTCACTTTGTATGTTGAGCAAGGCAAGTAACTGAAATACCAAGAGAC 2273
 2298 ATGAGTCACTTTGTATGTTGAGCAAGGCAAGTAACTGAAATACCAAGAGAC 2357
 2274 ATGAGTCACTTTGTATGTTGAGCAAGGCAAGTAACTGAAATACCAAGAGAC 2319
 2358 ATGAGTCACTTTGTATGTTGAGCAAGGCAAGTAACTGAAATACCAAGAGAC 2417
 2320 ATGAGTCACTTTGTATGTTGAGCAAGGCAAGTAACTGAAATACCAAGAGAC 2371
 2418 ATGAGTCACTTTGTATGTTGAGCAAGGCAAGTAACTGAAATACCAAGAGAC 2466
 2372 ATGAGTCACTTTGTATGTTGAGCAAGGCAAGTAACTGAAATACCAAGAGAC 2431
 2467 ATGAGTCACTTTGTATGTTGAGCAAGGCAAGTAACTGAAATACCAAGAGAC 2525
 2432 ATGAGTCACTTTGTATGTTGAGCAAGGCAAGTAACTGAAATACCAAGAGAC 2491
 2526 A 2526
 2492 A 2492

RESULT 10
 ATP5CS2 2440 bp mRNA linear PLN 15-NOV-1997
 LOCUS A.thaliana mRNA for pyruvate-5-carboxylate synthetase.
 DEFINITION Y09355.1 GI:1669657
 ACCESSION Y09355
 VERSION Y09355.1
 KEYWORDS P5CS2 gene; pyruvate-5-carboxylate synthetase.
 SOURCE Arabidopsis thaliana (thale cress)
 ORGANISM Arabidopsis thaliana
 Eukaryote; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliopsida; eudicotyledons; core eudicots;
 rosids; eurosids II; Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsis.
 1 (bases 1 to 2440)
 Strizhov,N., Abraham,E., Okresz,L., Bickling,S., Zilberstein,A.,
 Schell,J., Koncz,C. and Szabados,L.
 Differential expression of two P5CS genes controlling proline
 accumulation during salt-stress requires ABA and is regulated by
 ABA1, ABI1 and ABR2 in Arabidopsis
 Plant J. 12 (3), 557-569 (1997)

MEDLINE 98012527
 PUBMED 9351242
 REFERENCE 2 (bases 1 to 2440)
 AUTHORS Strizhov,N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (11-NOV-1996) N. Strizhov, Max-Planck-Instit. fuer
 Zuechtungsforsh., Abt. J.Schell, Carl-Von-Linne-Weg 10, D-50829
 Koeln, FRG
 COMMENT Corresponding genomic sequence: X86778.
 FEATURES
 source location/Qualifiers
 1..2440
 /organism="Arabidopsis thaliana"
 /mol_type="mRNA"
 /sub_species="ecotype Columbia"
 /db_xref="taxon:3702"
 /clone="pNS21"
 1..2440
 /gene="P5CS2"
 75..2255
 /gene="P5CS2"
 /codon_start=1
 /product="pyruvate-5-carboxylate synthetase"
 /protein_id="CAA70527.1"
 /db_xref="GI:1669658"
 /db_xref="GOA:P54888"
 /db_xref="SWISS-PROT:P54888"
 /translation="MTEIDRSRAFDVRIIVKVGTAIVTGKGRALAGRLAICQ
 LAELNSDFEVLIVSGAVLGRORLYOLVNSPADLQKPMELDGRACAGVGS
 LMAVETMPDLQVTVAKMLVDSFSDQFRQLSEVYAMLRKVI PVFNENDAIS
 TRAPYKDSITFMDNSLAALSLKDLILSDVGLVTPSPDSKILHREI
 KKHODBITRGKSKLGRGKMTKXVAAYVAAGVPIITSGVAAENISKYLGRV
 GTLPHDPAHIMAVYVITTSRDMAVVAARESRKQALSSERKILHDINALEVNEKT
 IKAENDIDVAAGAEYESLVARLVKREKISLAAVFOLEMEDPIGRVLAKTQV
 ADLLIKETSPGIVLIVESPDLVOIASLIRSGNLKLGKREARSAVILAK
 VITDALPEIVGKLIGLIVSREIPDLKIDVLDIVIPRGSNKLVSQIKRIFVL
 GHAGICHHVVDVSGKLDMAKRIIVSKADLPACNAEMELVHKDLEQGFADLIY
 VLOKGVTLVGGPRASAKNIPTKSFHHSKACVETVEDVYGAIDHIOHGSAA
 TDCIVPDSVVAITPLROVDSAAVFNASRPEDGRPLGAEVGISIRHARGVG
 VEGLLTRKIMRGKGVVDSDNGIVVTHDLPVLRTEAVENG1"

ORIGIN
 Query Match 65.1%; Score 1673.4; DB 8; Length 2440;
 Best Local Similarity 86.0%; Pred. No. 0;
 Matches 1854; Conservative 0; Mismatches 301; Indels 0; Gaps 0;

97 GACGACGATAATGAGAGAGCTAGATGCTTCACTGCTTTGCCAGAGAGCTCAAGCTAT 156
 65 GACACAACTATGACGAGAGATCGATCGTTACCGCGCTTGCCAAAGACGTTAAGCTAT 124
 157 CGTGGTTAAGGTTGAGACAGAGTGTCTTCTGGAAGAGTGAAGATTGCTGCTGCTG 216
 125 CGTGTCAAGGTTGGAGCTGCACTGTCTTCTGGAAGAGTGAAGATTGCTGCTGCTG 184
 217 TTTAGAGAGCTGTGTGACAGCTGCTGCGAATTAATCGATGATGATTTAGGATATT 276
 185 TTTAGAGAGCTATCGTGAACAGCTGCTGCGAATTAATCGATGATGATTTAGGATATT 244
 277 GGTGCAATCTGAGCGGTGGTCTTGGCAGGCAAGGCTTGATAGCAATTAAGCA 336
 245 GGTGCAATCTGAGCGGTGGTCTTGGCAGGCAAGGCTTGATAGCAATTAAGCA 304
 337 TAGGAGCTTTGCGATCTTCAAGAGCTCAAGCTGAACTTGATGAGAGAGCTTGTGCTG 396
 305 CAGCAGCTTTGCAATTTACAGAGGCAAAATGGAATTTGATGAGAGAGCTTGTGCTG 364
 397 TGTGCAAAAGCAGCTTTAGCTTCTATGAGACTATTTGACCAAGCTTATGAGAC 456
 365 TGTGAGAGAGCAGCTTCATGAGCTTCTATGAGACTATTTGACCAAGCTTATGAGAC 424
 457 GGCAGCTCAACTTGTGATGATGACAGTAGTTTATAGACAGAGATTTCAGAGAGCACT 516
 425 GGTGCTCAATGCTTGTGACCAATGATTTAGAGATTAAGATTTCAGAGAGCACT 484

517 TAATGAAGCTGCAAGTCTATGCTTGAATTGAGGGTATTCATATTTTCATGAGATGA 576
 485 TAGGAAGCTGTCAGAGGATGCTGAGGATGAGGTTATTCAGTTTTCATGAGATGA 544
 577 TGTATTAGCAGCCGAGAGGCCCATATCAGGATTTCTTGCTGATTTTTCGGATTAACA 636
 545 TGTATTAGCAGTGCAGAGGCCCATATCAGGATTTCTTGCTGATTTTTCGGATTAACA 604
 637 TAGCTTACCTGCTACTGCGGCTTGAAGCTGATGATCTTCTGATTTCTTGAGCGA 696
 605 CAGCTTACCGCTCTCTGCTGCTGAGAGCTGATGATCTTCTGATTTCTTGAGCGA 664
 697 TGTGAAGCTTTTACAGAGGCCCTTCAAGTATCTTACTCAAGTTGATTCACACTTT 756
 665 TGTGAGGCGCTTTACAGTGGCCCTCCAGAGTATCTCAAAATTAATACACACTT 724
 757 TGTAAAGAAAACATCAAGATGATGATTAATCTGGGGAGCAAAATCAAGATTAAGAGAG 816
 725 CATTAAGAAAACATCAAGAGATTAATCTTTGGGAGAAAGTCAAAATTAAGAGAGAG 784
 817 GGGTATGAGCTCAAAAGTCAAGCTGAGTCAATGAGCTTATGCTGGATTCCTGTCAT 876
 785 GGGTATGAGCTCAAAAGTCAAGCTGAGTCAATGAGCTTATGCTGGATTCCTGTCAT 844
 877 CATTAACGAGTGGATTTAGCTGAGAACTGATTAAGTCTCTGAGAGACTAGCTTTGG 936
 845 CATTAACGAGTGGATTTAGCTGAGAACTGATTAAGTCTCTGAGAGACTAGCTTTGG 904
 937 AACCTGTTTATCATGAGATGCTGTTTATGGGCTCCGATCAAGATTCATGCTGCTGA 996
 905 TACCTGTTTATCATGAGATGCTGTTTATGGGCTCCGATCAAGATTCATGCTGCTGA 964
 997 CATGCACTGCTGCGAGAGGAAAGTTCAGAAAGCTTGAGGCTTATCTTCCGAGAGAG 1056
 965 CATGCACTGCTGCGAGAGGAAAGTTCAGAAAGCTTGAGGCTTATCTTCCGAGAGAG 1024
 1057 GAAAAAATTCGCTGATTAATGCGATGCGCTTGAAGCAAAATGTTCTCAATCAAGAGC 1116
 1025 GAAACAAATTTTACAGACATTTGCGATGCGCTTGAAGTAAATGAGAAACAAATTAAGC 1084
 1117 TGAAGATGATTAAGTGTGCTGAGCAAGAGAGCTGATTAAGAGTCTTGTGAGAGC 1176
 1085 TGAAGATGATTAAGTGTGCTGAGCAAGAGAGCTGATTAAGAGTCTTGTGAGAGC 1144
 1177 TCGCTTATTAAGCACTGAGAAAGATTCAGAGCTTCCAGCTTCAAGTGTGAAGCTAGC 1236
 1145 TCGCTTATTAAGCACTGAGAAAGATTCAGAGCTTCCAGCTTCCAGCTTCCAGCTAGC 1204
 1237 TGAATGAGAAATCAATCGCCGCTTTTAAAGAAACAGAGGTGGCAGATGCTTGT 1296
 1205 CGAAATGAGAAATCAATCGCCGCTTTTAAAGAAACAGAGGTGGCAGATGCTTGT 1264
 1297 CTTAAGAGAAATCAATCGCCGCTTTTAAAGAAACAGAGGTGGCAGATGCTTGT 1356
 1265 TTTAGAGAGAAATCAATCGCCGCTTTTAAAGAAACAGAGGTGGCAGATGCTTGT 1324
 1357 TGCCTTTTAAAGATGATGCTTCCATGCGATCGATGAGAAATGCTTCCGAGAGAG 1416
 1335 TGCCTTTTAAAGATGATGCTTCCATGCGATCGATGAGAAATGCTTCCGAGAGAG 1384
 1417 TGAAGAGAGAGCCCGGAGATCAAAATGCTATTTTACAGAGGTATCACTGATGCAATTC 1476
 1385 TGAAGAGAGAGCCCGGAGATCAAAATGCTATTTTACAGAGGTATCACTGATGCAATTC 1444
 1477 AGAGACTGTTGGGGTAACTCATGAGCTTGAAGTCAAGTGAAGAGAGTCTGATTT 1536
 1445 GAGAGCTTTTGAAGTAACTCATGAGCTTGAAGTCAAGTGAAGAGAGTCTGATTT 1504
 1537 GCTTAAGCTTGAAGCTTATGATGCTTGAAGTCAAGAGAGAGAGAGAGCTTGTATC 1596
 1505 GCTTAAGCTTGAAGCTTATGATGCTTGAAGTCAAGAGAGAGAGAGAGCTTGTATC 1564
 1597 TCAAGTAAAGAAATCAAGAAATCCCTGCTGATGCTGATGATGATGCTGATGCT 1656

1565 TCAATTAAGAAATCGAGAGAAATCCAGTCTGAGGCTATGATGATCTGATCT 1624
 1657 ATATGTCAGCAAGGCTTGTGATACGATATGAGCAAGGCAATGATTTCTGATGAAAGTT 1716
 1625 ATATGTCAGCAAGGCTTGTGATACGATATGAGCAAGGCAATGATTTCTGATGAAAGTT 1684
 1717 GAGTATCCAGAGGCTTGTGATACGATATGAGCAAGGCAATGATTTCTGATGAAAGTT 1776
 1685 GAGTATCCAGAGGCTTGTGATACGATATGAGCAAGGCAATGATTTCTGATGAAAGTT 1744
 1777 GATGCTGCTTATGATGCTTATTTTGTCTGAGAGCAATGATGATCTTGTATG 1836
 1745 GATGCTTGTGATGATGATGATTTATGATGCTGAGCAAGGCAATGATTTGTATG 1804
 1837 TGAACCAAGGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1896
 1805 TGGGCAAGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1864
 1897 CTGTGCAAGGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1956
 1865 CAGTTCAGAGGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1924
 1957 TCAACGAGATGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2016
 1925 TCAACGAGATGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1984
 2017 GCTATTCCTTCCGCAAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2076
 1985 AATATTCCTTCCGCAAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2044
 2077 AGATGCTTCCGCAAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2136
 2045 TATGCTTTCGCAAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2104
 2137 TCGTGTCCAGTCCGCAAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2196
 2105 CCGTGTCCAGTCCGCAAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2164
 2197 ACAAGTTGAGATGAGAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2251
 2165 ACAAGTTGAGATGAGAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2219

RESULT 11
 LOCUS AY091766 2517 bp mRNA linear PLN 13-APR-2002
 DEFINITION Arabidopsis thaliana AT355610/F116_20 mRNA, complete cds.
 ACCESSION AY091766
 VERSION AY091766.1 GI:20147196
 KEYWORDS FLI CDNA.
 SOURCE Arabidopsis thaliana (thale cress)
 ORGANISM Arabidopsis thaliana
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliopsida; eudicotyledons; core eudicots;
 rosids; eurosids II; Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsis.
 1 (bases 1 to 2517)
 Shin, P., Chen, H., Cheuk, R., Kim, C.J., Meyers, M.C., Ban, J.,
 Bower, L., Carninci, P., Chang, B., Dale, J.K., Goldsmith, A.D.,
 Hayashizaki, Y., Ishida, J., Jones, T., Kamitani, A., Karlin-Neumann, G.,
 Kawai, J., Lam, B., Lee, J.M., Lin, J., Miranda, M., Narusaka, M.,
 Nguyen, M., Onodera, C.S., Palm, C.J., Quach, H.L., Sakurai, T.,
 Saitou, M., Seki, M., Southwick, A., Tang, C.C., Tortolani, M., Wu, H.C.,
 Yamada, K., Yamamura, Y., Yu, G., Yu, S., Shinozaki, K., Davis, R.W.,
 Theologis, A. and Ecker, J.R.
 Arabidopsis cDNA clones
 Unpublished
 2 (bases 1 to 2517)
 Shin, P., Chen, H., Cheuk, R., Kim, C.J., Meyers, M.C., Ban, J.,
 Bower, L., Carninci, P., Chang, B., Dale, J.K., Goldsmith, A.D.,
 Hayashizaki, Y., Ishida, J., Jones, T., Kamitani, A., Karlin-Neumann, G.,
 Kawai, J., Lam, B., Lee, J.M., Lin, J., Miranda, M., Narusaka, M.,
 Nguyen, M., Onodera, C.S., Palm, C.J., Quach, H.L., Sakurai, T.,
 Saitou, M., Seki, M., Southwick, A., Tang, C.C., Tortolani, M., Wu, H.C.,
 Yamada, K., Yamamura, Y., Yu, G., Yu, S., Shinozaki, K., Davis, R.W.,
 Theologis, A. and Ecker, J.R.

TITLE

Saitou M., Seki M., Southwick A., Tang C.C., Toriumi M., Wu H.C., Yamada K., Yamamura Y., Yu G., Yu S., Shinzaki K., Davis R.W., Theologis A. and Ecker J.R.

JOURNAL

Direct Submission

Submitted (26-MAR-2002) Salk Institute Genomic Analysis Laboratory

(SIGNAL), Plant Biology Laboratory, The Salk Institute for Biological Studies, 10010 N. Torrey Pines Road, La Jolla, CA 92037, USA

COMMENT

RIKEN Genomic Sciences Center (GSC) members carried out the collection and clustering of RFLP CDNA (RFLP CDNA: 'RIKEN Arabidopsis Full-Length CDNA') : Seki M., Narusaka M., Ishida J., Saitou M., Kamiya A., Sakurai T., Carninci P., Kawai J., Hayashizaki Y. and Shinzaki K.

The Salk, Stanford, RGC (SSP) Consortium members carried out the sequencing and annotation of the RFLP CDNA: Shim P., Chen H., Cheuk R., Kim C.J., Meyer M.C., Bahi J., Bowser L., Chang B., Dale J.M., Goldsmith A.D., Jones T., Katlin-Neumann G., Lam B., Lee J.M., Lin J., Miranda M., Nguyen M., Onodera C.S., Palm C.J., Quach H.L., Southwick A., Tang C.C., Toriumi M., Wu H.C., Yamada K., Yamamura Y., Yu G., Yu S., Davis R.W., Theologis A., and Ecker J.R.

Shim P. (SSP/Salk) and Seki M. (RIKEN GSC) contributed equally to this work. Shinzaki K. (RIKEN GSC) and Ecker J.R. (SSP/Salk) contributed equally to this work as PIs.

FEATURES

source

Location/Qualifiers

1. 2517

/organism="Arabidopsis thaliana"

/mol_type="mRNA"

/db_xref="taxon:3702"

/chromosome="3"

/clone="RAF105-15-M09 (R21841)"

/ecotype="Columbia"

105. 2285

/note="delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthetase"

/codon_start=1

/product="ATG555610/P1116_20"

/protein_id="AA10314.1"

/db_xref="GI:20147197"

/translation="MTEIDRSRAFAADYKRIYVAVTAVTGGKRLALGRLAICED
LAINSDGEVILVSSGAVGLGRRLYQVLNSSFALQPKMLDCKAGVQSS
LAAVYTFMDQDLYAOMLVDSDFRQKOLSEYKMLRKYVFNENDALIS
TTRAPYKDSGTIFMNDLSALSLSEIKADLIISDVEGLYTPSPSTSKLHTPI
KXKHDEITPGRSKLGRGKATKKAANAYGVVPTTISGYAAMISYLGATRY
GLTFHDAHLMAFVVDITSRDVAARSSKRLQALSSEDRKQIHLHIANLBNKTI
IRAENDLVAQAQAGYESLVAARVMEKGISLAASVROLAENEDIGVLKXTOY
ADDLIETKTSPIGVLLIVFESRPDALVQIASIARSGGLKNGEKARSNAIHK
VITDAIPEVGGKILGLVFSRREIPDLKLDVIDLIVPRGNKLVQIKSTKIPV
GHADGCHVYVDSKGLDMAKRIVSPADKIDYPAACNAETILVHGLDIONFPLDLIY
VTCGKVTLYGGPRASAKNIPETSKFHHEVSRACTVEIVDVGAIIDHIHOGSAL
TDCITVESEVAEPIKROYDSAAVFNHASTRSDSPFRGLAEVQISIRIHAGPVG
VGLLITRWIKNGQVVDNGIVYTHKDLFVLTQTEAVENGIT"

ORIGIN

Query Match 65.1%; Score 1673.4; DB 8; Length 2517;
Best Local Similarity 86.0%; Pred. No. 0;
Matches 1854; Conservative 0; Mismatches 301; Indels 0; Gaps 0;

97 GACGACATTAAGAGAGAGTATGATGTTGAGTCTTTTCCAGAGAGCTCAAAAGTAT 156
95 GACACAACTATATACGAGATCGATCGTTCACCGCGTTCGCCAAGAGCTTAAACGAT 154
157 CGTCGTTAAGAGTGGAGACAGAGTGTATCTGAGAAAGGTGAGAGTGGCTTGGTCTG 216
155 CGTCGTTAAGAGTGGAGACAGAGTGTATCTGAGAAAGGTGAGAGTGGCTTGGTCTG 214
217 TTGAGAGACACTGTGTGAACAGCTTCGGAATTAACCTCGATGATTTGAGGTATAT 276
215 TTGAGAGACTATCTGTGAACAGCTTCGGAATTAACCTCGATGATTTGAGGTATAT 274
277 GGTGATCTGAGTGGTGTCTTGGCAAGGCAAGAGCTTGGTATTCGACATTTAGTCAA 336

Db 275 GGTGATCTGAGTGGTGTCTTGGCAAGGCAAGAGCTTGGTATTCGACATTTAGTCAA 334
Qy 337 TAGGACTTTGGGAGATCTCAGAGGCTCAGACTGAACTGTATGGAAAGGCTTGTCTGG 396
Db 335 CAGAGCTTTGGGAGATCTCAGAGGCTCAGACTGAACTGTATGGAAAGGCTTGTCTGG 394
Qy 397 TGTGAGCAAGAGACTTATGAGCTTATGAGCTTATGAGCTTATGAGCTTATGAGCTT 456
Db 395 TGTGAGCAAGAGACTTATGAGCTTATGAGCTTATGAGCTTATGAGCTTATGAGCTT 454
Qy 457 GCGAGCTCAACTCTGTGTAAGAGAGCTTATGAGCTTATGAGCTTATGAGCTTATGAG 516
Db 455 GGTGCTCAACTCTGTGTAAGAGAGCTTATGAGCTTATGAGCTTATGAGCTTATGAG 514
Qy 517 TAATGAACTGCAAGCTTATGAGCTTATGAGCTTATGAGCTTATGAGCTTATGAGCTT 576
Db 515 TAGTGAAGACTGCAAGCTTATGAGCTTATGAGCTTATGAGCTTATGAGCTTATGAG 574
Qy 577 TGTATTAAGACCCGGAAGAGCCCATATGAGATTTCTGTATTTTCTGGATTAAGA 636
Db 575 TGTATTAAGACCCGGAAGAGCCCATATGAGATTTCTGTATTTTCTGGATTAAGA 634
Qy 637 TAGCTTAGCTGCTCTACTGAGCTTATGAGCTTATGAGCTTATGAGCTTATGAGCTT 696
Db 635 CAGCTTAGCTGCTCTACTGAGCTTATGAGCTTATGAGCTTATGAGCTTATGAGCTT 694
Qy 697 TGTGAGAGCTTTTACAGAGGCTTCAAGATGATCTTAAGTCAAGTGTATCAACACTT 756
Db 695 TGTGAGAGGCTTTTACAGAGGCTTCAAGATGATCTTAAGTCAAGTGTATCAACACTT 754
Qy 757 TGTGAG 816
Db 755 CATTGAG 814
Qy 817 GGGTATGACTGCAAG 876
Db 815 GGGTATGACTGCAAG 874
Qy 877 CATTAACAG 936
Db 875 CATTAACAG 934
Qy 937 AACCTGTTTCAATGAG 996
Db 935 TACCTGTTTCAATGAG 994
Qy 997 CATGCAAGTGTCTGCAAG 1056
Db 995 CATGCAAGTGTCTGCAAG 1054
Qy 1057 GAAAGAAATCTGCTGATATTTCCGATGCTTGAAGCAAAATGTTACTACAAATCAAGC 1116
Db 1055 GAAAGAAATCTGCTGATATTTCCGATGCTTGAAGCAAAATGTTACTACAAATCAAGC 1114
Qy 1117 TGAGATGAGTATGATGATGCTTCTGCAAGAGGCTGGGTGGAAGATCAATGGTGGC 1176
Db 1115 TGAGATGAGTATGATGATGCTTCTGCAAGAGGCTGGGTGGAAGATCAATGGTGGC 1174
Qy 1177 TCGCTTATGATGATGATGCTTCTGCAAGAGGCTGGGTGGAAGATCAATGGTGGC 1236
Db 1175 TCGCTTATGATGATGATGCTTCTGCAAGAGGCTGGGTGGAAGATCAATGGTGGC 1234
Qy 1237 TGATATGAAAGATCAATCGGCGGTGTTTAAAGAAACAGAGTGGCAGATGCTTGT 1296
Db 1235 CGAATGAAAGATCAATCGGCGGTGTTTAAAGAAACAGAGTGGCAGATGCTTGT 1294
Qy 1297 CTTAGAGAAAGATCAATCGGCGGTGTTTAAAGAAACAGAGTGGCAGATGCTTGT 1356
Db 1295 TTTAGAGAAAGATCAATCGGCGGTGTTTAAAGAAACAGAGTGGCAGATGCTTGT 1354
Qy 1357 TGCACTTGTACAGATGATCACTTGTGCAATCCGTAGTGAAGATGCTTGTGTAAGAG 1416
Db 1355 TGCACTTGTACAGATGATCACTTGTGCAATCCGTAGTGAAGATGCTTGTGTAAGAG 1414

QY 1417 TGGAAAGAGAGCCCGGCGATCAATGCTATCTTACCAAGAGTATCATGATGCAATTC 1476
 DB 1415 TGGAAAGAGAGCGTCGTGATCAATGCTATCTTACCAAGAGTATCATGATGCAATTC 1474
 QY 1477 AGAGACTGTTGGGGGTAACTCATTTGACTTTGACTTTCAAGAGAGAGATTCCTGATT 1536
 DB 1475 GGAAGACTGTTGGAGGTAACCTCATAGACTTTGACTTTCAAGAGAGAGATTCCTGATT 1534
 QY 1537 GCTTAAGCTTGATGACGTTATGCTGATCTTGATCCCAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1596
 DB 1535 GCTTAAGCTTGATGACGTTATGCTGATCTTGATCCCAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1594
 QY 1597 TCAGATTAATAATACTACAAAATCCCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1656
 DB 1595 TCAAAATTAATAATACTACAAAATCCCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1654
 QY 1657 ATATGTCAGACAGGCTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1716
 DB 1655 ATATGTCAGACAGGCTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1714
 QY 1717 GCACTATCCAGACGCTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1776
 DB 1715 GCACTATCCAGACGCTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1774
 QY 1777 GAATGCTGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1836
 DB 1775 GAATGCTGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1834
 QY 1837 TGGACCAAGAGGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1896
 DB 1835 TGGACCAAGAGGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1894
 QY 1897 CTGTGCAAGAGGCTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1956
 DB 1895 CAGTTCAGAGGCTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1954
 QY 1957 TCACCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2016
 DB 1955 TCACCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2014
 QY 2017 GCTATTCCTGCAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2076
 DB 2015 AATATTCCTGCAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2074
 QY 2077 AGATGCTTCCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2136
 DB 2075 TGAATGCTTCCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2134
 QY 2137 TCGATGCTCAGTGGGGTGAAGATTAATTAACAAGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2196
 DB 2135 CCGATGCTCAGTGGGGTGAAGATTAATTAACAAGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2194
 QY 2197 ACAAGTGTGACGAGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2251
 DB 2195 ACAAGTGTGACGAGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2249

RESULT 12
 AX507171
 LOCUS 2181 bp DNA linear PAT 27-SEP-2002
 DEFINITION Sequence 1866 from Patent WO216655.
 AX507171
 VERSION AX507171.1 GI:23388408
 KEYWORDS
 SOURCE Arabidopsis thaliana (thale cress)
 ORGANISM Arabidopsis thaliana
 Eukaryote; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
 rosids; eurosids II; Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsis.
 REFERENCE
 AUTHORS Harper, J.F., Krepe, J., Wang, X. and Zhu, T.
 TITLE Screen-regulated genes of plants, transgenic plants containing

JOURNAL same, and methods of use
 Patent: WO 0216655-A 1866 28-FEB-2002;
 The Scripps Research Institute (US); Syngenta Participations AG
 (CH)
 FEATURES
 source Location/Qualifiers
 1.2181
 /organism="Arabidopsis thaliana"
 /mol_type="unassigned DNA"
 /db_xref="taxon:3702"
 ORIGIN
 Query Match 64.9%; Score 1669.8; DB 6; Length 2181;
 Best Local Similarity 86.2%; Pred. No. 0;
 Matches 1648; Conservative 0; Mismatches 297; Indels 0; Gaps 0;

107 ATGAGAGAGTAAATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 166
 DB 1 ATGAGAGAGTAAATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 60
 QY 167 GTTGGACAGAGTGTATTAATGAAAAGTGAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 226
 DB 61 GTTGGACAGAGTGTATTAATGAAAAGTGAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 120
 QY 227 CTGTGTAACGCTTGGGGAATTAATCGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 286
 DB 121 ATCTGTAACGCTTGGGGAATTAATCGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 180
 QY 287 GGTGGGCTGCTTGGACAGCAAGGCTTCTATGACAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 346
 DB 181 GGTGGGCTGCTTGGACAGCAAGGCTTCTATGACAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 240
 QY 347 GCGGATCTTCAAGAGCTTCAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 406
 DB 241 GCAAGATTTACAGAGGCAAGCAATGAACTGATGGAAGGCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 300
 QY 407 AGCAGCTTAAAGGCTTCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 466
 DB 301 AGCAGCTTAAAGGCTTCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 360
 QY 467 CTTGTGTAATGACAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 526
 DB 361 ATGCTTGTGACCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 420
 QY 527 GTCAAGCTAATGCTTAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 586
 DB 421 GTCAAGCTAATGCTTAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 480
 QY 587 ACCGAAAGAGCCCATATCAAGATTTCTGATATTTCTGGAATTAAGATGATGATGATGATGAT 646
 DB 481 ACTGCAAGAGCCCATATCAAGATTTCTGATATTTCTGGAATTAAGATGATGATGATGATGATGAT 540
 QY 647 GCTTACTGAGGTTGGAATGAAAGCTGATTTCTGATTTCTTCTGAGGCAATGATGATGATGAT 706
 DB 541 GCTTACTGAGGTTGGAATGAAAGCTGATTTCTGATTTCTTCTGAGGCAATGATGATGATGATGAT 600
 QY 707 CTTTACAGAGGCTTCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 766
 DB 601 CTTTACAGAGGCTTCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 660
 QY 767 AAACATCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 826
 DB 721 AAACATCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 780
 QY 827 GCAAAAGTCAAGAGTGAAGTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 886
 DB 721 GCAAAAGTCAAGAGTGAAGTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 840
 QY 887 GGGATTCAGCTGAGAACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 946
 DB 781 GGGATTCAGCTGAGAACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 840
 QY 947 CATCAAGTGTCTTTATGAGGCTCCGATCAAGATTTCTATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1006

Db 841 CATCAAGATGCTATTATG3GCTCCGGTGTAGATACACTCTCTGACATG3CAGTT 900
 QY 1007 GGTGGAGGGAAGTTTCCAGAAAGCTTACGGCTTATCTTGGAAGACAGAAAAAT 1066
 Db 901 GCTGGAGGGAAGGCTCAAGAAAGCTTACGGCTTATCTTGGAAGACAGAAAAAT 960
 QY 1067 CTGCTGATATATCCGATGCGCTTGAAGCAATGTATCAATCAATCAATCAATGAG 1126
 Db 961 CTACACGACATTTGCCAATGCGCTTGAAGCAATGTATCAATCAATCAATGAG 1020
 QY 1127 TTGATATGATCTTTCGACACAGAGGCTGGTGTGAAGAGTCAATGCTGCTGAT 1186
 Db 1021 TTGATATGATCTTTCGACACAGAGGCTGGTGTGAAGAGTCAATGCTGCTGAT 1080
 QY 1187 ATGACACTGTGAAGATCTGAGCTTGAAGCTTCAATGCTGATGATGATGAA 1246
 Db 1081 ATGACACTGTGAAGATCTGAGCTTGAAGCTTCAATGCTGATGATGATGAA 1140
 QY 1247 GATCCAAATGCGCGCTGTTTAAAGAAACAGAGGTGAGATGCTGCTGATGAGAG 1306
 Db 1141 GATCCAAATGCGCGCTGTTTAAAGAAACAGAGGTGAGATGCTGCTGATGAGAG 1200
 QY 1307 ACCTCATCACTGATGAGCTTCAATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1366
 Db 1201 ACCTCATCACTGATGAGCTTCAATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1260
 QY 1367 CAGATAGCTTCACTGAGCTTCAATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1426
 Db 1261 CAGATAGCTTCACTGAGCTTCAATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1320
 QY 1427 GCGCGGCGATCAAAAGCTTCTTACCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1486
 Db 1321 GCTCGTGAGCAAAATCTTATCTTACCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1380
 QY 1487 GGGGGTAACTGATGAGCTTCAATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1546
 Db 1381 GGGGGTAACTGATGAGCTTCAATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1440
 QY 1547 GATGAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1606
 Db 1441 GATGAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1500
 QY 1607 AATCTACAAAAATCCCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1666
 Db 1501 AATCTACAAAAATCCCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1560
 QY 1667 AAGGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1726
 Db 1561 AAGGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1620
 QY 1727 GCGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1786
 Db 1621 GCGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1680
 QY 1787 CTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1846
 Db 1681 CTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1740
 QY 1847 GCAAGTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1906
 Db 1741 GCAAGTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1800
 QY 1907 GCTTGAAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1966
 Db 1801 GCTTGAAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1860
 QY 1967 GGAAGTGAAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2026
 Db 1861 GGAAGTGAAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1920
 QY 2027 GCGCAAGTGAAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2086
 Db 1921 GCGCAAGTGAAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1980

QY 2087 CGATTGGAAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2146
 Db 1981 AGGTTGGAAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2040
 QY 2147 GTCGGGTCGAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2206
 Db 2041 GTTGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2100
 QY 2207 GAGGAGCAAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2251
 Db 2101 GATGAGCAAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2145

RESULT 13
 AF314812
 LOCUS
 DEFINITION
 ACCESSION
 VERSION
 KEYWORDS
 SOURCE
 ORGANISM

AF314812 2529 bp mRNA linear PIN 06-FEB-2001
 Brassica napus delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthetase B mRNA,
 complete cds.
 AF314812
 AF314812.1 GI:12667250

Brassica napus (rape)
 Brassica napus
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
 rosids; eurosids II; Brassicales; Brassicaceae; Brassica.
 REFERENCE
 1 (bases 1 to 2529)
 Kang, Y.H. and Lee, S.Y.
 TITLE
 Isolation of a gene encoding the delta 1-pyrroline-5-carboxylate
 synthetase B in Brassica napus
 JOURNAL
 Unpublished
 2 (bases 1 to 2529)
 Kang, Y.H. and Lee, S.Y.
 REFERENCE
 Direct Submission
 Submitted (19-OCT-2000) Lab. of Biochemistry, Graduate School of
 Biotechnology, 1, 5-ka, Anam-dong, Sungbuk-ku, Seoul 136-701,
 Rep. of Korea

FEATURES
 source
 CDS
 location/Qualifiers
 1..2529
 /organism="Brassica napus"
 /mol_type="mRNA"
 /db_xref="taxon:3708"
 120..2303
 /note="Bnp5c2"
 /codon_start=1
 /product="delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthetase B"
 /protein_id="AAK01561.1"
 /db_xref="GI:12667251"
 /translation="MEDIDRSRAFDVRIIVKVGIVAVTGKGRLLAGRLAICE
 QLAELSDGEVILVSSGAVGROBLRROLVNSFADLQKQETLSDGKACAVGOS
 SIMAAYETMDQMDVVAQMLVDSFRKQDPRKLSSTVKMLKRWVLPVENDAI
 STRKAPYDSTGIFPMNDLALALALELKLALILISDVEGLYGPSPKSLHTY
 VKKHQSEITFGKSLRGKGTAKVKAIVNAIVGIPITITSGVAAENIAYLKLR
 VGLTFHQDALWARVVDITSRDVAVARSSRLQLSSDRNLIIDTANKLEAVK
 IIAENDLVDVAAQEAQESIVARLVMPKGISLAASIRLAEMEDIGRLKTE
 VADGLILEKTSPLGLILVFBSPDALQVLAISGNGILLKGGKARSNALIL
 KVITDAIPKTVGGKILGLVSRDEIDPLKLDVIDLVI PRGSKLVSOIKSTKIPV
 LGRANDICHYVNDKSKDVMARVSDALDYPAQNAETILLVHDLBONGVLANLI
 YALQANGVITLGPRAKSGKANTPEVSPHREYSKCTVEIVEDVHGATDHIHQGSA
 HTICIVTESEVAIFLRQVDSAAVTHMASTPCDFRGLAEVGISRIRHARFV
 GVSGLLITRWIKNGQVVDGNDGVAVTHKDLPLVETRAVONGH"

ORIGIN
 Query Match 64.7%; Score 1662.4; DB 8; Length 2529;
 Best Local Similarity 85.0%; Pred. No. 0;
 Matches 1868; Conservative 0; Mismatches 329; Indels 1; Gaps 1;

QY 67 CTCTCTGTGTGTGTTTGTGAGCAGCAGCAGATATGAGAGAGCTAGATGTTTC 126
 Db 84 CTCTCTGTGTGTGTTTGTGAGCAGCAGCAGATATGAGAGAGCTAGATGTTTC 142
 QY 127 ACGTGCTTTGGCAGAGAGCTCAAGGTATGCTGTTAAGGTTGGACAGCAGGTTTTC 186

143 CCGGCTTTCGCAAGAGAGCTTAAGCGTATCGTTTCAAGGTTGGAGACAGAGCTTTAC 202
187 TGAAGAAAGTGAAGAGTGGCTCTTGTGCTTTAGAGACACTGTGTGAACAGCTTGGCA 246
203 AGGAAAGGTGAAGAGTGGCTCTTGTGCTTTAGAGACACTGTGTGAACAGCTTGGCA 262
247 ATTAACTCGAGATGATTTAGAGTGAATATGTGTCACTGTGTGCGGTTGCTTGGCAG 306
263 ATTGAATCGGATGGTTTGAAGTCAATTTGTGTCTGTGTGTGGGTTGTCTTGTGTG 322
307 GCAGAGCTTCCTTATTCAGCAATTAAGTCAATAGCAGCTTGGAGATCTTCAAGAGCTCA 366
323 TCAGAGCTTGAATACAGCAATTAAGTCAATAGCAGCTTGGAGATCTTCAAGAGCTCA 382
367 GACTGAATCTGATGGAAGAGCTTGTGTGTGTGTGCAAGAGAGCTTATGAGCTTACTA 426
383 GACTGAATCTGATGGAAGAGCTTGTGTGTGTGTGCAAGAGAGCTTATGAGCTTACTA 442
427 TGAAGCTATGTTGACAGAGCTTGTGTGTGTGTGCAAGAGAGCTTATGAGCTTACTA 486
443 TGAAGCTATGTTGACAGAGCTTGTGTGTGTGTGCAAGAGAGCTTATGAGCTTACTA 502
487 TTTTGAAGAGAGATTTGAGAGAGCACTTATGAACTGTCAAGTCTTATGCTTGAATT 546
503 TTTTGAAGAGAGATTTGAGAGAGCACTTATGAACTGTCAAGTCTTATGCTTGAATT 562
547 GAGGATATTCAGATTTTCAATGAGATGATGCTTATGAGACCCGAGAGCCCATATCA 606
563 GAGATTTATTCAGATTTTCAATGAGATGATGCTTATGAGACCCGAGAGCCCATATCA 622
607 GATTTCTTCTGTATTTTCTGAGATTAACATAGCTTATGCTTATCTGAGCTTGAAT 666
623 GATTTCTTCTGTATTTTCTGAGATTAACATAGCTTATGCTTATCTGAGCTTGAAT 682
667 GAAAGCTATCTCTATCTTCTGAGAGATGATGCTTATGAGACCCGAGAGCCCATATCA 726
683 GAAAGCTATCTTCTATCTTCTGAGAGATGATGCTTATGAGACCCGAGAGCCCATATCA 742
727 TGAATCTTCTGATTTTCTGAGATTAACATAGCTTATGCTTATCTGAGCTTGAAT 786
743 CAGTCTTCTGATTTTCTGAGATTAACATAGCTTATGCTTATCTGAGCTTGAAT 802
787 ATTGCGGAGCAATTCAGATTTAGAGAGAGGAGTATGATCTGCAAAAGTCAAGCTGAGT 846
803 CTTTGGCAGAGATTCAGATTTAGAGAGAGGAGTATGATCTGCAAAAGTCAAGCTGAGT 862
847 CAATGAGCTTATGCTGAGATTTCTGATCATTAACATAGGAGTATGATGAGAGAT 906
863 TAAATGAGCTTATGCTGAGATTTCTGATCATTAACATAGGAGTATGATGAGAGAT 922
907 AGATTAAGCTTCTGAGAGATTCAGATTTGAGAGAGGAGTATGATGAGAGAT 966
923 AGCTTAAGCTTCTGAGAGATTCAGATTTGAGAGAGGAGTATGATGAGAGAT 982
967 GAGCTGATTCAGAGATTTCTGATCATTAACATAGGAGTATGATGAGAGAT 1026
983 GAGCTGATTCAGAGATTTCTGATCATTAACATAGGAGTATGATGAGAGAT 1042
1027 AAAGCTTCAAGGCTTCTGATCATTAACATAGGAGTATGATGAGAGAT 1086
1043 AAAGCTTCAAGGCTTCTGATCATTAACATAGGAGTATGATGAGAGAT 1102
1087 CCTTGAAGCAATGATTAATCAATCAAGCTGAGATGATGATGATGATGATGATGAT 1146
1103 TCTTGAAGCAATGATTAATCAATCAAGCTGAGATGATGATGATGATGATGATGAT 1162
1147 AGAGGCTGAGTGAAGAGTCAATGAGTGAAGTCAATGAGTGAAGTCAATGAGTGAAG 1206
1163 AGAGGCTGAGTGAAGAGTCAATGAGTGAAGTCAATGAGTGAAGTCAATGAGTGAAG 1222
1207 GAGCTTGAAGTGAAGTCAATGAGTGAAGTCAATGAGTGAAGTCAATGAGTGAAG 1266

1223 AAGCTTGCAGCTTCTATTCGCGAGTAGCTGAATGAAAGAGCAATGATGATGATGAT 1282
1267 AAAGAAAAGAGAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 1326
1283 AAAGAAAAGAGAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 1342
1327 ACTTCTGATTTTGTGATTTTGTGATTTTGTGATTTTGTGATTTTGTGATTTTGTGATTT 1386
1343 TCTTCTGATTTTGTGATTTTGTGATTTTGTGATTTTGTGATTTTGTGATTTTGTGATTT 1402
1387 CCGTATGAGAAATGATGATTTGATGATTTGATGATTTGATGATTTGATGATTTGATGATTT 1446
1403 CAGAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 1462
1447 CTTTCAAGAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 1506
1463 CTTTCAAGAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 1522
1507 TGTGATTTCAAGAGAGAGATTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTT 1566
1523 TGTGATTTCAAGAGAGAGATTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTT 1582
1567 GATCCCAAGAGAGAGAGATTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTT 1626
1583 GATCCCAAGAGAGAGAGATTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTT 1642
1627 GCTAGTCAATGATGATTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTT 1686
1643 GCTAGTCAATGATGATTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTT 1702
1687 GCGAAGAGAGATTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTT 1746
1703 GCGAAGAGAGATTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTT 1762
1747 AACCTTCTGATGATTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTT 1806
1763 AACCTTCTGATGATTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTT 1822
1807 TCTGAGAGAGATTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTT 1866
1823 CTTGAGAGAGATTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTT 1882
1867 ACCAAGAGAGATTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTT 1926
1883 TCCGAGAGAGATTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTT 1942
1927 AGAAGAGATTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTT 1986
1943 AGAAGAGATTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTT 2002
1987 CATTGAGAGAGATTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTT 2046
2003 CATTGAGAGAGATTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTT 2062
2047 TGTGATTTCAAGAGAGAGATTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTT 2106
2063 TGTGATTTCAAGAGAGAGATTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTT 2122
2107 GGTGAGAGAGATTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTT 2166
2123 GGTGAGAGAGATTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTT 2182
2167 TACAGAGAGATTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTT 2226
2183 GACAGAGAGATTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTT 2242
2227 TTAACAGAGATTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTT 2264
2243 TTAACAGAGATTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTTTCTGATTT 2280

RESULT 14
ADU92286

LOCUS ADU92286 2378 bp mRNA linear PUN 22-APR-1998
 DEFINITION Actinidia deliciosa pyrrolidine-5-carboxylate synthetase mRNA,
 complete cds.
 ACCESSION U92286
 VERSION U92286.1 GI:1928959
 SOURCE Actinidia deliciosa
 ORGANISM Actinidia deliciosa
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
 asterids; Ericales; Actinidiaceae; Actinidia.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 2378)
 Malton, E.F., Podivinsky, E., Wu, R.-M., Reynolds, P.H.S. and
 Young, L.W.
 TITLE Regulation of proline biosynthesis in kiwifruit buds with and
 without hydrogen cyanamide treatment
 JOURNAL Physiol. Plantarum 102, 171-178 (1998)
 REFERENCE 2 (bases 1 to 2378)
 Malton, E.F., Podivinsky, E., Wu, R.-M., Reynolds, P.H.S. and
 Young, L.W.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (06-MAR-1997) HortResearch, Private Bag 3123, Hamilton,
 New Zealand
 FEATURES
 source Location/Qualifiers
 1..2378
 /organism="Actinidia deliciosa"
 /mol_type="mRNA"
 /db_xref="taxon:3627"
 /tissue_type="axillary bud"
 9..2162
 /codon_start=1
 /product="pyrrolidine-5-carboxylate synthetase"
 /protein_id="AAC14481.1"
 /db_xref="GI:1928960"
 /translation="MDAVSTGAFVKVKVILKVGAVYTRADGRALGRGALCEQ
 IHNESQFEVLVTGSAVGVRQRLRYKLVNSSFADLQKPIELDGKCAVGGQ
 LIALYDLFSQDLTSAQLVDNDPDPKQLETVESLNTKVIPIFNEDAVS
 TRKPYEDASGIWMDNSLAILLEIKADLVLTSPVEGLYSGSPSDPSQKIHVI
 KEMEGELITPDRGVRGWTAKVAVAAAGTVITSGYATRNITIKVQGRRI
 GTLPHRQAKAPYGVGARDMAVAABSSRLDANSPORSKITLDVADALEANKL
 IRIENEDLAAQQAQAGKESLISRLAKSKISLSLAINMEPIGHVAKTEI
 VTGAIVENTSSPLGLIIFESRDLAKSLASIRGNGLVKKGEAKRSVAILKEI
 IDTSIAPBNVGPRLIGVTSREELPDLKLDVLDIVIPRGSNKLVSQIESKIPVL
 ELQIKGVYHGGPSSSLIHPEARSLAHHTYSSLAETIEIVDVVAIDIHHSASAH
 TDSITTDHEVAETELRQUNSSVTHNARSFESGARFGAEGVISTSRIRHGFVG
 VESLITRWIARSGGVVDGDKIVITHKDLISHA"
 ORIGIN
 Query Match 48.4%; Score 1243.8; DB 8; Length 2378;
 Best Local Similarity 73.5%; Pred. No. 2,3e-312;
 Matches 1587; Conservative 0; Mismatches 572; Indels 0; Gaps 0;
 Db 4 CAACAATGAGAGCGATTCACGCGAGGCTTCGCAAGGCGTGAACGCTGATCA 63
 QY 102 CGATTATGAGAGAGCTAGATGCTTCACTGTTTGGCCAGAGAGCTGAACGATGCTG 161
 Db 162 TTAAGTTGGAGAGAGCTAGATGCTTCACTGTTTGGCCAGAGAGCTGAACGATGCTG 221
 QY 64 TCAAGTTGGAGAGCTAGATGCTTCACTGTTTGGCCAGAGAGCTGAACGATGCTG 123
 Db 222 GAGCACTGTGTGAACAGCTGGGGAATTAACTCGATGATTTAGAGTATTTGGT 281
 QY 124 GAGCACTGTGTGAACAGCTGGGGAATTAACTCGATGATTTAGAGTATTTGGT 183
 Db 282 CATCTGGGAGGCTGTGCTTGGAGGAGCAAGGCTGTGATTCACATTAAGTAAATGCA 341
 Db 184 CATAGGCTGTGCTTGGAGGAGCAAGGCTGTGATTCACATTAAGTAAATGCA 243
 QY 342 GCTTGGGAGCTTCAAGAGCTCAAGCTGATTTGATGGAAGGCTGTGCTGTG 401
 Db 244 GCTTGGGAGCTTCAAGAGCTCAAGCTGATTTGATGGAAGGCTGTGCTGTG 303

QY 402 GACAAGAGCTTATGAGCTTACTATGAGATTAATGTTGACAGAGCTGATGAGGAG 461
 Db 304 GCAAAATGCTATGAGCTTCTATGATACATTTGATGATGATGATGATGATGATG 363
 QY 462 CTCAGCTTGTGTAATGACAGTATGTTTGAAGACAGATTTCAAGACAACTTAATG 521
 Db 364 CTCAGCTTGTGTAATGACAGTATGTTTGAAGACAGATTTCAAGACAACTTAATG 423
 QY 522 AAACGTCAAGCTTAATGCTGATTTGAGAGGTTATTCATTTTCATGATGATGATG 581
 Db 424 AAACGTCAAGCTTAATGCTGATTTGAGAGGTTATTCATTTTCATGATGATGATG 483
 QY 582 TTAGACCCGAGAGAGCCCATATCAGATTTCTTGTGATTTTCTGAGTAAACGATGCT 641
 Db 484 TTAGACCCGAGAGAGCCCATATCAGATTTCTTGTGATTTTCTGAGTAAACGATGCT 543
 QY 642 TAGCTGCTTACTGGGCTTGGAACTGAAAGCTGATCTTGTGATTTTCTGAGGATG 701
 Db 544 TAGCAAGCTTATTAAGCTTGGAGCTAAAGGCTGACCTTCTGCTGATGATGATG 603
 QY 702 AAGTCTTTACACAGGCTCCCAAGTGAATCTTAATCAAGGTTGATCCACTTTGTTA 761
 Db 604 AAGGCTTTATGAGGCTCCCAAGTGAATCTTAATCAAGGTTGATCCACTTTGTTA 663
 QY 762 AAGAAAACATCAAGATGATGATTAATTCATTCGCGCAATCAAGATTAGGAGAGG 821
 Db 664 AAGAAAACATCAAGATGATGATTAATTCATTCGCGCAATCAAGATTAGGAGAGG 723
 QY 822 TAGCTGCAAAAGTCAAGGCTGAGCAATGAGCTTAATGCTGAGATTCGATCAATTA 881
 Db 724 TAGCTGCAAAAGTCAAGGCTGAGCAATGAGCTTAATGCTGAGATTCGATCAATTA 783
 QY 882 CCAATGGGATTCAGCTGAGCAATGATTAAGTCTTCAAGAGCTGATGATGATGAT 941
 Db 784 CCAATGGGATTCAGCTGAGCAATGATTAAGTCTTCAAGAGCTGATGATGATGAT 843
 QY 942 TCTTTCATCAAGATGCTGTTTAAAGGCTCCGATCAAGATTTCTAATGCTGATGAT 1001
 Db 844 TCTTTCATCAAGATGCTGTTTAAAGGCTCCGATCAAGATTTCTAATGCTGATGAT 903
 QY 1002 CAGTGTGCGAGGAGAAATTCAGAAAGCTTCAAGGCTTATCTTGGAAAGACAGAAA 1061
 Db 904 CAGTGTGCGAGGAGAAATTCAGAAAGCTTCAAGGCTTATCTTGGAAAGACAGAAA 963
 QY 1062 AAATTTGCTGATATTTCCGATGCTGCTTGAAGCAATGTTATCAATCAAGCTGAG 1121
 Db 964 AAATTTGCTGATATTTCCGATGCTGCTTGAAGCAATGTTATCAATCAAGCTGAG 1023
 QY 1122 ATGAGTTAGATGATGCTTCTGACAAAGAGCTGGGTTGAAAGATGCAATGCTGCT 1181
 Db 1024 ATGAGTTAGATGATGCTTCTGACAAAGAGCTGGGTTGAAAGATGCAATGCTGCT 1083
 QY 1182 TAGTTATGACACTGGAAGAAATCTGAGGCTTCAAGCTTCAAGCTTCAAGCTGATA 1241
 Db 1084 TAGTTATGACACTGGAAGAAATCTGAGGCTTCAAGCTTCAAGCTTCAAGCTGATA 1143
 QY 1242 TGAAGATTCAGATGCGGCTTTTAAAGAAACAGAGGCTGAGATGCTGCTGCTAG 1301
 Db 1144 TGAAGATTCAGATGCGGCTTTTAAAGAAACAGAGGCTGAGATGCTGCTGCTAG 1203
 QY 1302 AGAAGACTCAATCAATTAAGGCTTCTGATGATTTTGAATCCGACCTGATGAC 1361
 Db 1204 AGAAGACTCAATCAATTAAGGCTTCTGATGATTTTGAATCCGACCTGATGAC 1263
 QY 1362 TTGTACATATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1421
 Db 1264 TTGTACATATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1323
 QY 1422 AGAGGCTCCGCGAGTCAATGCTATCTTACCAAGGATGATCACTGATGATCAAGAG 1481
 Db 1324 AGAGGCTCCGCGAGTCAATGCTATCTTACCAAGGATGATCACTGATGATCAAGAG 1383
 QY 1482 CTGTTGGGGGTAACCTATTTGAGCTTGTGATTCAGAGAGAGATTTCTGATTTGCTTA 1541

Db 1284 ATGTGTCAGAGGCTTATGAGCTTGTGACTTCTAGAGGAGATTCCGATTTCTTA 1443
 Qy 1542 AGCTTGATGACGTATGATCTTGTGATCCCAAGAGAGCAAGCTGTGTAACAG 1601
 Db 1444 AGCTGATGATGATGATCTTGTGATCCCAAGAGAGCAAGCTGTGTAACAG 1503
 Qy 1602 TAAATAATCTACAAATAATCCCTGTGTAGTCACTGTGATGATGATGATG 1661
 Db 1504 TCAAGGATCAACCAATAATCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTG 1563
 Qy 1662 TCGCAAGGCTG 1721
 Db 1564 TGTGATGATCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1623
 Qy 1722 ATCCAGAGGCTG 1781
 Db 1624 ATCCAGAGGCTG 1683
 Qy 1782 CTGTGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1841
 Db 1684 GTTGCTTGTGAGAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1743
 Qy 1842 CAAGGCAAGTAAAGTAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1901
 Db 1744 CAAGGCAAGTAAAGTAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1803
 Qy 1902 CCAAGGCTG 1961
 Db 1804 CACTGCTTGTGAGAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1863
 Qy 1962 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2021
 Db 1864 GTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1923
 Qy 2022 TCCCTGCAAGTG 2081
 Db 1924 TTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1983
 Qy 2082 GTTTCGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2141
 Db 1984 GGGCTGCTTGTGAGAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2043
 Qy 2142 GTCCAGTG 2201
 Db 2044 GACTGTGCTG 2103
 Qy 2202 TTGTGCAAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2260
 Db 2104 TTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2162
 RESULT 15
 SLUB0267 2239 bp mRNA 11near PLN 24-JAN-2003
 LOCUS Solanum lycopersicum delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthetase
 DEFINITION (tomPRO2) mRNA, complete cds.
 ACCESSION U60267
 VERSION U60267.1 GI:1480669
 KEYWORDS
 SOURCE Lycopersicon esculentum (tomato)
 ORGANISM Lycopersicon esculentum
 Eukaryote; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
 asterids; lamiales; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon.
 1. (bases 1 to 2239)
 REFERENCE Magglio, A., Garcia-Rios, M., Fujita, T., Bressan, R.A., Csonka, L.N.,
 Uchly, R.V. and Hasegawa, M.P.
 TITLE Cloning and partial characterization of PRO2, a second tomato gene
 encoding the enzyme involved in the first two steps of proline
 biosynthesis
 JOURNAL (in) PROCEEDINGS OF THE ASP MEETING;
 (1996)

REFERENCE 2 (bases 1 to 2239)
 AUTHORS Magglio, A., Garcia-Rios, M., Fujita, T., Bressan, R.A., Uchly, R.V.,
 Hasegawa, M.P. and Csonka, L.N.
 TITLE Cloning of tomPRO1 (Accession No. U7454) and tomPRO2 (Accession
 No. U60267) from Lycopersicon esculentum L.: coexistence of
 polyclonal and monoclinal genes which encode the enzymes
 catalyzing the first two steps of proline biosynthesis (PGR96-077)
 JOURNAL Plant Physiol. 112, 862 (1996)
 REFERENCE 3 (bases 1 to 2239)
 AUTHORS Magglio, A., Fujita, T., Garcia-Rios, M., Bressan, R.A. and Csonka, L.N.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (10-JUN-1996) Horticulture, Purdue University, 1165
 Horticulture Bldg., West Lafayette, IN 47907, USA
 FEATURES
 source
 1. .2239
 /organism="Lycopersicon esculentum"
 /mol_type="mRNA"
 /db_xref="taxon:4081"
 gene
 1. .2239
 /gene="tomPRO2"
 44. .2197
 /gene="tomPRO2"
 CDS
 /codon_start=1
 /product="delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthetase"
 /protein_id="AA067875.1"
 /db_xref="GI:1480670"
 /translation="METVDSITRAFKVKNKRLIVKGVAVVTRADRLALGRLALCEQ
 LOELNSGYEVILVTSAGVGRQLRLRYRLINSSFDLQKPTDELGKCAAGVNG
 LMLYDSLESDLVTSALVDLPDPRDLNDTVNSLSLKVTPLENDADLS
 TRAPVDSGSIEMNDISLAALALAKLLVLDIVSPDVGPPDPSPKILVYI
 KEIHERVITTKDSRVKRGMTAVKAAATVATGIVITSGPDTNIIKVTAGERI
 GLPHCANRWASIGETDAREMAVAACSRRLQALSSQSRSKILQDIALBANEA
 ILAENLADVAAQAQGYEKLISRLANPKISLANSVLSNMEPLHETLKEEI
 ADGELIKESSPGLQVLLIFESRPDALVQJASLVASVNGMLKGGKEARSAVILIK
 VITSAIPVSVKERLIGLVRSREIPELIDVIVIPGSKMLVSOIAKSRIPVL
 GHADGICHVYVDKADMDMAKRIIVDAKDIDVPAACNMMETLLVHKDLQNGANDLIV
 ELQKGVSLVGGPYSLSLMTIPARPRHREYSSLACTVREYEDVYALIDHIGGSAH
 TDSITTDQEAVERFLAQVDSAAVFNHASTFSDGFRFGLGAVGISTGITHARGPVG
 VEGLLTKMLARSGQIVDGKSIIVSHKLTQGG"
 ORIGIN
 Query Match 47.8%; Score 1228.6; DB 8; Length 2239;
 Best Local Similarity 73.1%; Pred. No. 2.2e-308;
 Matches 1576; Conservative 0; Mismatches 579; Indels 0; Gaps 0;
 Db 106 AATGAGAGCTAATCGTTCAGCTGCTTTGCCAGAGAGCTCAACGATCGTTAA 165
 Qy 43 AATGAGAGCTAATCGTTCAGCTGCTTTGCCAGAGAGCTCAACGATCGTTAA 102
 Db 166 GATTGGGACAGAGCTGTTACTGGAAAAGTGGAGTGGCTGGTGTGTTAGAGC 225
 Qy 103 GATTGGGACAGAGCTGTTACTGGAAAAGTGGAGTGGCTGGTGTGTTAGAGC 162
 Db 226 ACTGTGTAAACAGCTTGGGAAATTAATCGATGATTTGAGGTGATTTGTGTATC 285
 Qy 163 CCTGTGTAGAGCTTCAAGAGGCTTAATTCGAAAGGTATGAAGTATTTTGGGATTC 222
 Db 286 TGTGTGGTG 345
 Qy 223 TG 282
 Db 346 TGGGATCTTCAAGAGCTGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 405
 Qy 283 TCTTGTATTTCAAAAGGCAAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 342
 Db 406 AAGCAGTCTTATGCTTACTATGAGACTATGTTGACCACTGATGACGGCAGCTCA 465
 Qy 343 GAATGGCTCAATGGCTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 402
 Db 466 ACTCTGTGTATGACAGTATGTTTATGAGCAAGGATTTTCAAGGCACTTATGAAAC 525
 Qy 403 GCTTG 462

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2004 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using SW model

Run on: March 10, 2004, 09:18:05 ; Search time 881.898 Seconds
(without alignments)
12384.789 Million cell updates/sec

Title: US-10-026-767-2

Perfect score: 2571
Sequence: 1 ctgattatctatcttacc.....tcaagatctactcttc 2571

Scoring table: IDENTITY NUC
Gapop 10⁻⁰, Gapext 1.0

Searched: 3373863 seqs, 2124099041 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 6747726

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

Database :
1: Genesegq29Jan04:*
2: genesegq1980s:*
3: genesegq2000s:*
4: genesegq2001as:*
5: genesegq2001bs:*
6: genesegq2002as:*
7: genesegq2003as:*
8: genesegq2003bs:*
9: genesegq2003cs:*
10: genesegq2004s:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	ID	Description
1	2571	100.0	2571	7	ABX93778 Thale cre
2	2258.4	87.8	2273	3	AAC42463 Arabidops
3	2154	83.8	2154	6	ABZ13586 Arabidops
4	1669.8	64.9	2181	6	ABZ14061 Arabidops
5	1156.8	45.0	2417	2	AAOC68841 Delta-pyr
6	1156.8	45.0	2417	2	AAAT77279 Delta-pyr
7	1085.6	42.2	2549	7	ABX93777 Rice delt
8	1062.8	41.3	2549	2	AAV15744 Rice delt
9	900.4	35.0	1343	3	AAC44944 Arabidops
10	555.6	21.6	594	7	ABX57016 Arabidops
11	538.8	21.0	594	7	ABX56679 Arabidops
12	358.2	13.9	3256	9	ADD18749 Human dls
13	346.4	13.5	792	6	ABN99076 Arabidops
14	320.4	12.5	418	7	ABX62288 Arabidops
15	292.4	11.4	2507	3	AACT8003 Human can
16	285.2	11.1	2849	4	ABZ12989 Drosophi1
17	272.4	10.6	403	3	ABX62632 Arabidops
18	267.6	10.4	476	3	AAC38250 Zea maye
19	179	7.0	1251	7	AAC45031 Prokaryot
20	176.4	6.9	63020	6	ABCG67197_11 Contination (12 o
21	176.4	6.9	110000	6	ABCG9245_12 Contination (13 o
22	172.2	6.7	110000	6	ABN3041_12 Contination (13 o
23	171.8	6.7	1257	7	ACA27795 Prokaryot

24	169.6	6.5	1470	4	AAE85700 A thalian
25	166.8	6.5	110000	6	ABN90521_16 Contination (17 o
26	161.4	6.3	1248	7	ACA36547 Prokaryot
27	158.4	6.2	1233	7	ACA30306 Prokaryot
28	156.4	6.1	7696	2	AAI13474 Enterococ
29	156.4	6.1	7696	2	ABG99269 Enterococ
30	154.6	6.0	1254	7	ACF69162 Phototrab
31	154.6	6.0	110000	7	ACF69162 Phototrab
32	154.6	6.0	243072	7	ACF69162 Phototrab
33	152	5.9	1251	7	ACA51260 Prokaryot
34	151.8	5.9	1248	7	ACA48457 Prokaryot
35	148.4	5.8	1371	7	ACC61721 Gene sequ
36	148.4	5.8	110000	6	ABN71527_02 Contination (3 of
37	146.6	5.7	1251	7	ACB70922 Listeria
38	142.2	5.5	4763	6	ACB70922 Listeria
39	141.6	5.5	1245	7	ACA33563 Prokaryot
40	137.2	5.3	1254	7	ACA34403 Prokaryot
41	137.2	5.3	110000	2	AAAT42063_13 Contination (14 o
42	135.8	5.3	1245	7	ACA32834 Prokaryot
43	132.6	5.2	276	7	ABX82575 Corn ear-
44	131.6	5.1	1248	6	ABN67489 Streptoco
45	131.6	5.1	1251	7	ACA50629 Prokaryot

ALIGNMENTS

RESULT 1	ABX93778	ABX93778 standard; cDNA; 2571 BP.
ID	ABX93778	
XX	ABX93778;	
AC	17-JUN-2003	(first entry)
DT		
XX		
DE	Thale cress delta^1-pyrroline-5-carboxylate synthetase (P5CS) cDNA.	
XX		
KW	Graess; delta^1-pyrroline-5-carboxylate synthetase; P5CS; gene; ss;	
KM	proline dehydrogenase; ProDH; stress tolerance; water tolerance; calli;	
KW	salt stress; salinity tolerance; temperature tolerance; protoplasts;	
KM	proline accumulation; thale cress.	
XX		
OS	Arabidopsis thaliana.	
XX		
Key	Location/Qualifiers	
FT	CDS	107..2260
FT		/*tag= a
FT		/product= "Thale cress P5CS"
XX		
PN	GB2376236-A.	
XX		
PD	11-DEC-2002.	
XX		
XX	24-DEC-2001; 2001GB-00030946.	
PF		
XX		
PR	08-JUN-2001; 2001JP-00174553.	
XX		
PA	(HITA) HITACHI LTD.	
PA	(BIO-) BIO-ORIENTED TECHNOLOGY RES ADVANCEMENT.	
PA	(INDE-) INDEPENDENT ADMINISTRATIVE INST NAT INST.	
PA	(RIKE) RIKEN KK.	
XX		
PI	Yoshida Y, Shinozaki K;	
XX		
DR	WPI; 2003-203644/20.	
XX	P-PSDB; ABU09030.	
PT	New grass plant overexpressing a P5CS gene from rice, useful for making	
PT	transgenic plants with higher levels of proline accumulating ability, and	
PT	more improved salinity-tolerance, drought-tolerance and low temperature-	
XX	tolerance.	
PS	Claim 2; Page 29-36; 52pp; English.	

XX The invention relates to a grass plant in which a delta¹-pyrroline-5-carboxylate synthetase (P5CS) gene of rice, or a P5CS gene of Arabidopsis thaliana and the antisense gene of a proline dehydrogenase (P5DH) gene of Arabidopsis thaliana, have been introduced in tandemly connected relation to each other. A new method of the present invention is useful for the production of a transgenic rice plant with improved stresses tolerance, especially for water or salt stresses and low temperatures. The invention provides for transgenic plants with a higher level of proline accumulating ability. The invention also relates to a grass plant obtained by introducing a vector comprising a gene of the invention into a calli or protoplast derived from a grass plant, growing the calli or protoplast to obtain a colony and regenerating a plant body from the calli or colony. This sequence represents DNA encoding the thale cress P5CS polypeptide of the invention

Sequence 2571 BP; 698 A; 493 C; 638 G; 742 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 100.0%; Score 2571; DB 7; Length 2571;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 2571; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 1 CTGATTTATTTCTTCTTACCTTAATAAGAGAGGCTTCACTGAGTCCGACTCGATTAC 60
DB 1 CTGATTTATTTCTTCTTACCTTAATAAGAGAGGCTTCACTGAGTCCGACTCGATTAC 60
QY 61 TCGTTCCTCTCTCTGTGTGTGTTTGTGAGACGACGACGATATGAGAGGACTAGA 120
DB 61 TCGTTCCTCTCTCTGTGTGTGTTTGTGAGACGACGACGATATGAGAGGACTAGA 120
QY 121 TCGTTCAGTCTCTTTCGACGAGAGCTCAAGATATGCTGTTAAGTTTGGACACGACT 180
DB 121 TCGTTCAGTCTCTTTCGACGAGAGCTCAAGATATGCTGTTAAGTTTGGACACGACT 180
QY 181 TGTTCCTGAAAGAGTGAAGATGCTCTTGTGTTAGAGACGCTGTGAACAGCT 240
DB 181 TGTTCCTGAAAGAGTGAAGATGCTCTTGTGTTAGAGACGCTGTGAACAGCT 240
QY 241 TGGCGAATTAACCTGGAGATGATTTGAGGTGATTTGCTGATCTGCTGCTGCT 300
DB 241 TGGCGAATTAACCTGGAGATGATTTGAGGTGATTTGCTGATCTGCTGCTGCTGCT 300
QY 301 TGGCGAGCAAGAGCTTCTTATGACATTAAGTCAATAGACGCTTGGGATCTTCGAA 360
DB 301 TGGCGAGCAAGAGCTTCTTATGACATTAAGTCAATAGACGCTTGGGATCTTCGAA 360
QY 361 GCGTCAAGTGAATCTTGAATGGAGGCTTGTGCTGTGTGAGCAAGACGCTTATGCG 420
DB 361 GCGTCAAGTGAATCTTGAATGGAGGCTTGTGCTGTGTGAGCAAGACGCTTATGCG 420
QY 421 TTAATATGAGACTATGTTTGAACAGCTGATGTGACGCGACGCTCAACTCTGCGATGA 480
DB 421 TTAATATGAGACTATGTTTGAACAGCTGATGTGACGCGACGCTCAACTCTGCGATGA 480
QY 481 CAGTATGTTTGAAGCAAGATTTGAGAGCAACTTATGAACTGTCAAGTCTATGCT 540
DB 481 CAGTATGTTTGAAGCAAGATTTGAGAGCAACTTATGAACTGTCAAGTCTATGCT 540
QY 541 TGAATGAGGCTTATTTCAATGAGAAATGATGCTATTAAGCAAGGAGGCTT 600
DB 541 TGAATGAGGCTTATTTCAATGAGAAATGATGCTATTAAGCAAGGAGGCTT 600
QY 601 ATATCAGAGATCTTCTGATATTTCTGAGATAGATAGCTTACTCTCTCAAGGCTT 660
DB 601 ATATCAGAGATCTTCTGATATTTCTGAGATAGATAGCTTACTCTCTCAAGGCTT 660
QY 661 GGAAGTGAAGCTATCTTCTGATATTTCTGAGATAGATAGCTTACTCTCTCAAGGCTT 720
DB 661 GGAAGTGAAGCTATCTTCTGATATTTCTGAGATAGATAGCTTACTCTCTCAAGGCTT 720
QY 721 TCCAGTATCTTACTCAAGATGATCACTTTTGTAAAGAAACATCAAGATGA 780
DB 721 TCCAGTATCTTACTCAAGATGATCACTTTTGTAAAGAAACATCAAGATGA 780

QY 781 GATTACCTTGGCGACAAATCAAGATTAGGAGAGGCGGTATGATGCTCAAAAGCTCAAGC 840
DB 781 GATTACCTTGGCGACAAATCAAGATTAGGAGAGGCGGTATGATGCTCAAAAGCTCAAGC 840
QY 841 TGCAGTCAATGACGCTTATCTGAGATTCCTGATCATTAACCAAGGCGATTCAGCTGA 900
DB 841 TGCAGTCAATGACGCTTATCTGAGATTCCTGATCATTAACCAAGGCGATTCAGCTGA 900
QY 901 GAAATATGATTAAGTCTCTCAAGAGACTAGTGTGAACTTGTTCATCAAGATCTCG 960
DB 901 GAAATATGATTAAGTCTCTCAAGAGACTAGTGTGAACTTGTTCATCAAGATCTCG 960
QY 961 TTTATGAGGCTCCGATCAAGATTCATGATCTGTCGATAGGACGCTGCGGAGGAAAG 1020
DB 961 TTTATGAGGCTCCGATCAAGATTCATGATCTGTCGATAGGACGCTGCGGAGGAAAG 1020
QY 1021 TTCAGAAAGCTTCAGGCTTATCTTCGAGAGACAGAGAAATAATCTGCTTGAATATTC 1080
DB 1021 TTCAGAAAGCTTCAGGCTTATCTTCGAGAGACAGAGAAATAATCTGCTTGAATATTC 1080
QY 1081 CGATGCTTGAAGGCAATGTTACTATCAATCAAGCTGAATGAAATGATGATGCTTC 1140
DB 1081 CGATGCTTGAAGGCAATGTTACTATCAATCAAGCTGAATGAAATGATGATGCTTC 1140
QY 1141 TGCACAAAGAGCTGAGGTGGAAGAGTCAATGAGGCTGCTTATGATGACCTGGAAA 1200
DB 1141 TGCACAAAGAGCTGAGGTGGAAGAGTCAATGAGGCTGCTTATGATGACCTGGAAA 1200
QY 1201 GATCTGAGCTTTCGACCTTCACTGCTGATAGCTATGATGAAATCAATCGGCG 1260
DB 1201 GATCTGAGCTTTCGACCTTCACTGCTGATAGCTATGATGAAATCAATCGGCG 1260
QY 1261 TGTTTTAAAGAAACAGAGGTGAGAGGTCTTGTCTTGAAGAGACCTCATCAACAT 1320
DB 1261 TGTTTTAAAGAAACAGAGGTGAGAGGTCTTGTCTTGAAGAGACCTCATCAACAT 1320
QY 1321 AGGCTACTCTTCTGATTTGTTTGAATCCGACCTGATGACCTTGTATCAATAGCTTCA 1380
DB 1321 AGGCTACTCTTCTGATTTGTTTGAATCCGACCTGATGACCTTGTATCAATAGCTTCA 1380
QY 1381 TGGCATCGATGAGAAATGAGCTTCTGCTGAGAGGTGAAAGAGGCGCCGCGATCAAA 1440
DB 1381 TGGCATCGATGAGAAATGAGCTTCTGCTGAGAGGTGAAAGAGGCGCCGCGATCAAA 1440
QY 1441 TGTATCTTACCAAGAGTATCACTGATGCAATTCAGAGACTGTGGGCGTAACTCAT 1500
DB 1441 TGTATCTTACCAAGAGTATCACTGATGCAATTCAGAGACTGTGGGCGTAACTCAT 1500
QY 1501 TGGACTTGTGATTTCAAGAGAAATTCCTGATTTGCTTAAAGCTGTATGATGATGA 1560
DB 1501 TGGACTTGTGATTTCAAGAGAAATTCCTGATTTGCTTAAAGCTGTATGATGATGA 1560
QY 1561 TCTTGTATCCCAAGAGAGCAAGCAAGCTTGTACTAGATTAATAATACTCAAAAT 1620
DB 1561 TCTTGTATCCCAAGAGAGCAAGCAAGCTTGTACTAGATTAATAATACTCAAAAT 1620
QY 1621 CCTGTGCTAGGCTATGCTGATGATGATTTGTGATATATGTCAGCAAGGCTTGTATAC 1680
DB 1621 CCTGTGCTAGGCTATGCTGATGATGATTTGTGATATATGTCAGCAAGGCTTGTATAC 1680
QY 1681 GGAATGAGCAAGGCGCATATGTTTCTGATGCAAGATGATGATGATGATGATGATG 1740
DB 1681 GGAATGAGCAAGGCGCATATGTTTCTGATGCAAGATGATGATGATGATGATGATG 1740
QY 1741 GATGAAACCTTCTTGTGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1800
DB 1741 GATGAAACCTTCTTGTGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1800
QY 1801 TTTTGTCTGAGAGCAATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1860
DB 1801 TTTTGTCTGAGAGCAATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1860

```
QY 1861 GAACATACCAAGAGCAGTCTATTCACCATGAGTACTGTGCGAAGGCTTGCACTGTGA 1920
DB 1861 GAACATACCAAGAGCAGTCTATTCACCATGAGTACTGTGCGAAGGCTTGCACTGTGA 1920
QY 1921 AGTTGAGAGAGCGTTTATGCTATGATGATCACTTACCGGACATGGGATGACACAC 1980
DB 1921 AGTTGAGAGAGCGTTTATGCTATGATGATCACTTACCGGACATGGGATGACACAC 1980
QY 1981 AGACTGCATTGTGACAGAGGATCAAGAAATTGACAGAGTATTCCTGCGCAAGTGATAG 2040
DB 1981 AGACTGCATTGTGACAGAGGATCAAGAAATTGACAGAGTATTCCTGCGCAAGTGATAG 2040
QY 2041 CGCTGCTGTGTTCCACAGAGCGACAGCAAGATTCCTCAATGCTTCCGATTTGACCTGG 2100
DB 2041 CGCTGCTGTGTTCCACAGAGCGACAGCAAGATTCCTCAATGCTTCCGATTTGACCTGG 2100
QY 2101 TGCAGAGGTGGGGGTAGACACGGGACGATCCATGCTGTGTCAGTCCGGGTGCAAGG 2160
DB 2101 TGCAGAGGTGGGGGTAGACACGGGACGATCCATGCTGTGTCAGTCCGGGTGCAAGG 2160
QY 2161 ATTACTTACACGAGATGATATGAGAGGAAAAGACAGATTTGCGAGGACATGG 2220
DB 2161 ATTACTTACACGAGATGATATGAGAGGAAAAGACAGATTTGCGAGGACATGG 2220
QY 2221 AATTGTTACACCCATCCAGGACATTCCTCCATCCAGCTTAAACAAGCTTCGAGTGTG 2280
DB 2221 AATTGTTACACCCATCCAGGACATTCCTCCATCCAGCTTAAACAAGCTTCGAGTGTG 2280
QY 2281 TTGTGTATTTGGTTGAGACTTGAGAGAGACACAGAGAGAGATGGGCTTTTGTGTTCC 2340
DB 2281 TTGTGTATTTGGTTGAGACTTGAGAGAGACACAGAGAGAGATGGGCTTTTGTGTTCC 2340
QY 2341 TCTCGCTTAGACATCATATCTATCACTATATATATATATATATATATATATATATAT 2400
DB 2341 TCTCGCTTAGACATCATATCTATCACTATATATATATATATATATATATATATATAT 2400
QY 2401 CTCGCTTAGAGTGGTTTGTAGTTAGGTTAGATGACCAAAATAGATCCACTTT 2460
DB 2401 CTCGCTTAGAGTGGTTTGTAGTTAGGTTAGATGACCAAAATAGATCCACTTT 2460
QY 2461 ACCACTTAGTCTTCTGCTATAGTACGATGAGAAACATTTAATTACTTCTTCTTCA 2520
DB 2461 ACCACTTAGTCTTCTGCTATAGTACGATGAGAAACATTTAATTACTTCTTCTTCA 2520
QY 2521 TTGTAACTACCTACATTTCTGATCTTATCAAGATCTACTACTTTTC 2571
DB 2521 TTGTAACTACCTACATTTCTGATCTTATCAAGATCTACTACTTTTC 2571

RESULT 2
AAC42463
ID AAC42463 standard; DNA; 2273 BP.
XX AAC42463;
AC 17-OCT-2000 (first entry)
XX
XX
XX Arabidopsis thaliana DNA fragment SEQ ID NO: 35654.
DE
XX
XX Arabidopsis thaliana DNA fragment SEQ ID NO: 35654.
XX
XX Hybridisation assay; genetic mapping; gene expression control;
XX protein identification; signal transduction pathway; metabolic pathway;
XX promoter; termination sequence; ss.
XX
XX Arabidopsis thaliana.
XX
XX EP1033405-AZ.
XX
XX 06-SEP-2000.
XX
XX 25-FEB-2000; 2000EP-00301439.
XX
XX 25-FEB-1999; 99US-0121825P.
XX
XX 05-MAR-1999; 99US-0123160P.
```

```
PR 09-MAR-1999; 99US-0123548P.
PR 23-MAR-1999; 99US-0125788P.
PR 25-MAR-1999; 99US-0126264P.
PR 29-MAR-1999; 99US-0126785P.
PR 01-APR-1999; 99US-0127462P.
PR 06-APR-1999; 99US-0128234P.
PR 08-APR-1999; 99US-0128714P.
PR 16-APR-1999; 99US-0129845P.
PR 19-APR-1999; 99US-0130077P.
PR 21-APR-1999; 99US-0130449P.
PR 23-APR-1999; 99US-0130510P.
PR 28-APR-1999; 99US-0130891P.
PR 30-APR-1999; 99US-0132048P.
PR 30-APR-1999; 99US-0132407P.
PR 04-MAY-1999; 99US-0132484P.
PR 05-MAY-1999; 99US-0132485P.
PR 06-MAY-1999; 99US-0132486P.
PR 07-MAY-1999; 99US-0132487P.
PR 11-MAY-1999; 99US-0134256P.
PR 14-MAY-1999; 99US-0134218P.
PR 14-MAY-1999; 99US-0134219P.
PR 14-MAY-1999; 99US-0134221P.
PR 14-MAY-1999; 99US-0134370P.
PR 15-MAY-1999; 99US-0134768P.
PR 18-MAY-1999; 99US-0134941P.
PR 20-MAY-1999; 99US-0135124P.
PR 21-MAY-1999; 99US-0135353P.
PR 24-MAY-1999; 99US-0135629P.
PR 25-MAY-1999; 99US-0136021P.
PR 27-MAY-1999; 99US-0136392P.
PR 28-MAY-1999; 99US-0136782P.
PR 01-JUN-1999; 99US-0137222P.
PR 03-JUN-1999; 99US-0137528P.
PR 04-JUN-1999; 99US-0137502P.
PR 07-JUN-1999; 99US-0137724P.
PR 08-JUN-1999; 99US-0138094P.
PR 10-JUN-1999; 99US-0138540P.
PR 10-JUN-1999; 99US-0138847P.
PR 14-JUN-1999; 99US-0139119P.
PR 16-JUN-1999; 99US-0139452P.
PR 16-JUN-1999; 99US-0139453P.
PR 17-JUN-1999; 99US-0139492P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139454P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139455P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139456P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139457P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139458P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139459P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139460P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139461P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139462P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139463P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139464P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139750P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139763P.
PR 21-JUN-1999; 99US-0139817P.
PR 22-JUN-1999; 99US-0139899P.
PR 23-JUN-1999; 99US-0140353P.
PR 23-JUN-1999; 99US-0140354P.
PR 24-JUN-1999; 99US-0140695P.
PR 26-JUN-1999; 99US-0140823P.
PR 29-JUN-1999; 99US-0140981P.
PR 30-JUN-1999; 99US-0141287P.
PR 01-JUL-1999; 99US-0141842P.
PR 01-JUL-1999; 99US-0142154P.
PR 02-JUL-1999; 99US-0142055P.
PR 06-JUL-1999; 99US-0142390P.
PR 08-JUL-1999; 99US-0142803P.
PR 09-JUL-1999; 99US-0142920P.
PR 12-JUL-1999; 99US-0142977P.
PR 13-JUL-1999; 99US-0143542P.
PR 14-JUL-1999; 99US-0143624P.
```


QY 541 TGAATGAGGTTATTCATATTTTCAATGATGATGCTATTTAGACCCGAAAGCCCC 600
 DB 554 TGAATGAGGTTATTCATATTTTCAATGATGATGCTATTTAGACCCGAAAGCCCC 613
 QY 601 ATATCAGATCTCTTGATATTTTCTGGATATACATAGCTTAGCTAGCTCTAGCTT 660
 DB 614 ATATCAGATCTCTTGATATTTTCTGGATATACATAGCTTAGCTAGCTCTAGCTT 673
 QY 661 GGAATGAAAGCTGATCTCTGATCTCTGATCTCTGATCTCTGATCTCTGATCTCT 720
 DB 674 GGAATGAAAGCTGATCTCTGATCTCTGATCTCTGATCTCTGATCTCTGATCTCT 733
 QY 721 TCAAGGATCTCTGATCTCTGATCTCTGATCTCTGATCTCTGATCTCTGATCTCT 780
 DB 734 TCAAGGATCTCTGATCTCTGATCTCTGATCTCTGATCTCTGATCTCTGATCTCT 793
 QY 781 GATTAATTCGCGGCAAAATCAAGATTAGGAGAGGGGATGATGATGATGATGATGAT 840
 DB 794 GATTAATTCGCGGCAAAATCAAGATTAGGAGAGGGGATGATGATGATGATGATGAT 853
 QY 841 TGAAGTCAATGAGCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTG 900
 DB 854 TGAAGTCAATGAGCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTG 913
 QY 901 GAACATATGATTAAGTCTCTGAGAGAGTCAAGTCTGATGATGATGATGATGATGAT 960
 DB 914 GAACATATGATTAAGTCTCTGAGAGAGTCAAGTCTGATGATGATGATGATGATGAT 973
 QY 961 TTTATGAGGCTCCGATCAAGATTTCTAATGCTGATGATGATGATGATGATGATGAT 1020
 DB 974 TTTATGAGGCTCCGATCAAGATTTCTAATGCTGATGATGATGATGATGATGATGAT 1033
 QY 1021 TTTCAAGAGCTTCAGGCTTATCTCTGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1080
 DB 1034 TTTCAAGAGCTTCAGGCTTATCTCTGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1093
 QY 1081 CGATGCTCTGAG 1140
 DB 1094 CGATGCTCTGAG 1153
 QY 1141 TGAAG 1200
 DB 1154 TGAAG 1213
 QY 1201 GATCTGAGGCTTCAGGCTTATCTCTGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1260
 DB 1214 GATCTGAGGCTTCAGGCTTATCTCTGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1273
 QY 1261 TGTATTAAG 1320
 DB 1274 TGTATTAAG 1333
 QY 1321 AGGCGTACTCTGATGATTTTGTATGATCCGAGCTGATGATGATGATGATGATGAT 1380
 DB 1334 AGGCGTACTCTGATGATTTTGTATGATCCGAGCTGATGATGATGATGATGATGAT 1393
 QY 1381 TGCATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1440
 DB 1394 TGCATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1453
 QY 1441 TGCATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1500
 DB 1454 TGCATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1513
 QY 1501 TGAATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1560
 DB 1514 TGAATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1573
 QY 1561 TCTTGTATCCCAAG 1620
 DB 1574 TCTTGTATCCCAAG 1633
 QY 1621 CCTGTGCTAGTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1680

DB 1634 CCTGTGCTAGTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1693
 QY 1681 GGAATGAG 1740
 DB 1694 GGAATGAG 1753
 QY 1741 GATGAG 1800
 DB 1754 GATGAG 1813
 QY 1801 TTTGCTCTGAG 1860
 DB 1814 TTTGCTCTGAG 1873
 QY 1861 GAAATATCCAG 1920
 DB 1874 GAAATATCCAG 1933
 QY 1921 AGTGTAG 1980
 DB 1934 AGTGTAG 1993
 QY 1981 AGACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2040
 DB 1994 AGACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2053
 QY 2041 CGCTGCTGTGTTCCAG 2100
 DB 2054 CGCTGCTGTGTTCCAG 2113
 QY 2101 TGAAG 2160
 DB 2114 TGAAG 2173
 QY 2161 ATTAATTAAG 2220
 DB 2174 ATTAATTAAG 2233
 QY 2221 AATGTTTACAG 2260
 DB 2234 AATGTTTACAG 2273
 RESULT 3
 AB213586
 ID AB213586 standard; DNA; 2154 BP.
 XX
 AC AB213586;
 XX
 DT 21-JAN-2003 (first entry)
 XX
 DE Arabidopsis thaliana stress regulated gene SEQ ID NO 1391.
 XX
 KW Arabidopsis thaliana; plant; gene; stress; transgenic; ds.
 XX
 OS Arabidopsis thaliana.
 XX
 PN W0200216655-A2.
 XX
 PD 28-FEB-2002.
 XX
 PF 24-AUG-2001; 2001WO-US026685.
 XX
 PR 24-AUG-2000; 2000US-0227866P.
 XX
 PR 26-JAN-2001; 2001US-0264647P.
 XX
 PR 22-JUN-2001; 2001US-0300111P.
 XX
 PA (SCRI) SCRIPPS RES INST.
 XX
 PA (SYGN) SYNGENTA PARTICIPATIONS AG.
 XX
 PI Harper JF, Kreps J, Wang X, Zhu T;
 XX

DR WPI: 2002-304127/34.

XX Identifying a stress condition to which a plant cell has been exposed and
PT producing plants with increased tolerance to these abiotic stresses.

XX Claim 15; SEQ ID NO 1391; 577bp + Sequence Listing; English.

XX The invention relates to identifying a stress condition to which a plant
CC cell has been exposed, comprising: (a) contacting nucleic acid
CC representative of expressed polynucleotides in the plant cell with an
CC array of probes representative of the plant cell genome; and (b)
CC detecting a profile of expressed polynucleotides in the plant cell
CC characteristic of a stress response. The method is useful in the
CC production of transgenic plants, cells and seeds and in producing plants
CC with increased tolerance to abiotic stress. The present sequence is that
CC of an Arabidopsis thaliana stress regulated gene (AB212196-AB217574) used
CC in methods of the invention. Note: The sequence data for this patent is
CC not represented in the printed specification but is based on sequence
CC information supplied to Derwent by the European Patent Office

SQ Sequence 2154 BP; 595 A; 412 C; 562 G; 585 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 83.8%; Score 2154; DB 6; Length 2154;

Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;

Matches 2154; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 107 ATGAGAGAGCTGATCGTTGACGCTTTGGCAGAGAGCTGAAAGTATCGTGTAG 166
DB 1 ATGAGAGAGCTGATCGTTGACGCTTTGGCAGAGAGCTGAAAGTATCGTGTAG 60
QY 167 GTTGGGACAGAGTGTGTACTGAAAAAGGTGAAGTGTGCTGTGCTTTAGAGCA 226
DB 61 GTTGGGACAGAGTGTGTACTGAAAAAGGTGAAGTGTGCTGTGCTTTAGAGCA 120
QY 227 CTGTGTGAACAGCTTGGCGGAATTAACCTCGATGATTTGAGTGATGTGCTACT 286
DB 121 CTGTGTGAACAGCTTGGCGGAATTAACCTCGATGATTTGAGTGATGTGCTACT 180
QY 287 GTGTGGGATGTGTCTTGGGACGAAAGGCTTGTATGACATTAATGATAGCACTT 346
DB 181 GTGTGGGATGTGTCTTGGGACGAAAGGCTTGTATGACATTAATGATAGCACTT 240
QY 347 GGGATCTTCAGAAAGCTTCAGACTGAATTTGATGGAAGGCTTGTGCTGTTGACA 406
DB 241 GGGATCTTCAGAAAGCTTCAGACTGAATTTGATGGAAGGCTTGTGCTGTTGACA 300
QY 407 AGCAGCTTATGAGCTTACTGAGACTATGTTGACAGCTTGTGAGCGAGCTCAA 466
DB 301 AGCAGCTTATGAGCTTACTGAGACTATGTTGACAGCTTGTGAGCGAGCTCAA 360
QY 467 CTTCGTGTGATGACAGATGTTTGAAGCAAGATTTCAAGAACTTAATGAAGT 526
DB 467 CTTCGTGTGATGACAGATGTTTGAAGCAAGATTTCAAGAACTTAATGAAGT 420
QY 527 GTCAAGTCTATGCTGATTTGAGGTTATTCATTTCAATGAGATGATGCTATTAG 586
DB 421 GTCAAGTCTATGCTGATTTGAGGTTATTCATTTCAATGAGATGATGCTATTAG 480
QY 587 ACCCGAAGAGCCCATATCAAGATTTCTGTGATTTTCTGGATTAACGATAGCTT 646
DB 481 ACCCGAAGAGCCCATATCAAGATTTCTGTGATTTTCTGGATTAACGATAGCTT 540
QY 647 GGTCTACGAGGCTTGAAGCTGAAGCTGATCTTCGATTTCTTGAAGGATGTTGAAG 706
DB 541 GGTCTACGAGGCTTGAAGCTGAAGCTGATCTTCGATTTCTTGAAGGATGTTGAAG 600
QY 707 CTTTACACAGGCTTCAGAGTATCTTAAGTGAAGTGAATCAACTTTTGTAAAGAA 766
DB 601 CTTTACACAGGCTTCAGAGTATCTTAAGTGAAGTGAATCAACTTTTGTAAAGAA 660
QY 767 AAACATCAAGATGATTAATTCGAGCAAAATGAATTAGGAGAGGGGGTATGACT 826
DB 661 AAACATCAAGATGATTAATTCGAGCAAAATGAATTAGGAGAGGGGGTATGACT 720

QY 827 GCAAAAGTCAAGCTGACGATGATGACGCTTATGCTGGAATTCCTGTCAATACCAAGT 886
DB 721 GCAAAAGTCAAGCTGACGATGATGACGCTTATGCTGGAATTCCTGTCAATACCAAGT 780
QY 887 GGGATTCAGCTGAGAAATAGATTAAGTCTCCAGAGAGTACGTGTGAACTTGT 946
DB 781 GGGATTCAGCTGAGAAATAGATTAAGTCTCCAGAGAGTACGTGTGAACTTGT 840
QY 947 CATCAAGATGCTGTTTATGAGGCTCCGATCAAGATTTAATGCTCGTGAATGGAGT 1006
DB 841 CATCAAGATGCTGTTTATGAGGCTCCGATCAAGATTTAATGCTCGTGAATGGAGT 900
QY 1007 GCTGGAGGAGAAAGTTCAGAAAGCTTCAAGGCTTATCTTGGAGACAGAGAAATTT 1066
DB 901 GCTGGAGGAGAAAGTTCAGAAAGCTTCAAGGCTTATCTTGGAGACAGAGAAATTT 960
QY 1067 CTGCTTGAATTTGCGGATGCGCTTGAAGCAATGTTACTAATCAAAAGCTGAAATGAG 1126
DB 961 CTGCTTGAATTTGCGGATGCGCTTGAAGCAATGTTACTAATCAAAAGCTGAAATGAG 1020
QY 1127 TTAGATGATGCTTGCACAAAGAGCTGGTGAAGAGTCAATGATGCTGCTAGTT 1186
DB 1021 TTAGATGATGCTTGCACAAAGAGCTGGTGAAGAGTCAATGATGCTGCTAGTT 1080
QY 1187 ATGACACCTGGAAGATCTGAGAGCTTGAAGCTTCAATGCTGATGATGAGAA 1246
DB 1081 ATGACACCTGGAAGATCTGAGAGCTTGAAGCTTCAATGCTGATGATGAGAA 1140
QY 1247 GATCCATTCGCGCTGTTTAAAGAAACAGAGGAGAGATGATGCTGCTTGAAGAG 1306
DB 1141 GATCCATTCGCGCTGTTTAAAGAAACAGAGGAGAGATGATGCTGCTTGAAGAG 1200
QY 1307 ACCCATCACTATGAGGCTTCTGATGTTTGAATCCGACCTGATGACCTGTA 1366
DB 1201 ACCCATCACTATGAGGCTTCTGATGTTTGAATCCGACCTGATGACCTGTA 1260
QY 1367 CAGATAGCTTCACTTGCATCCGATGCTGATGAAATGCTCTTCTGGAAGGTTGAAGAG 1426
DB 1261 CAGATAGCTTCACTTGCATCCGATGCTGATGAAATGCTCTTCTGGAAGGTTGAAGAG 1320
QY 1427 GCCCGGAGTCAAAAGCTATCTTACACAGAGTATCACTGATGCAATTCAGAGCTGT 1486
DB 1321 GCCCGGAGTCAAAAGCTATCTTACACAGAGTATCACTGATGCAATTCAGAGCTGT 1380
QY 1487 GGGGGTAACTCATTTGACTGCTTCAAGAGAGATTTCTGATTTGCTTAAGCTT 1546
DB 1381 GGGGGTAACTCATTTGACTGCTTCAAGAGAGATTTCTGATTTGCTTAAGCTT 1440
QY 1547 GATGACGTTATGATCTTGTATGCCAAGAGAGCAAGCTTGTACTCAGATAAAA 1606
DB 1441 GATGACGTTATGATCTTGTATGCCAAGAGAGCAAGCTTGTACTCAGATAAAA 1500
QY 1607 AATTAACAAAATCCCTGTGTAGTCAATGCTGATGAAATCTGATGATTAATGTCAG 1666
DB 1501 AATTAACAAAATCCCTGTGTAGTCAATGCTGATGAAATCTGATGATTAATGTCAG 1560
QY 1667 AAGGCTTGTATGAGATTAAGCAAGAGCAATGTTTCTGATGCAAAAGTTGACATCA 1726
DB 1561 AAGGCTTGTATGAGATTAAGCAAGAGCAATGTTTCTGATGCAAAAGTTGACATCA 1620
QY 1727 GAGGCTTGTATGAGATTAAGCAAGAGCAATGTTTCTGATGCAAAAGTTGACATCA 1786
DB 1621 GAGGCTTGTATGAGATTAAGCAAGAGCAATGTTTCTGATGCAAAAGTTGACATCA 1680
QY 1787 CTTAAGAGCTTATTTGCTGCTGAGAGCAATGAGTCACTTGTATGATGAGCAAGAG 1846
DB 1681 CTTAAGAGCTTATTTGCTGCTGAGAGCAATGAGTCACTTGTATGATGAGCAAGAG 1740
QY 1847 GCAAGTATGATCTGAATCAATCAAGAGACGCTCATTAACATGATGATGCTGCAAG 1906
DB 1741 GCAAGTATGATCTGAATCAATCAAGAGACGCTCATTAACATGATGATGCTGCAAG 1800

Db 961 CTACACACATTCGCCAATGCCCTTGAAGTAAATGAGAAAAAATTAAGCTGAGATGAT 1020
 Qy 1127 TTAGATGAGCTTCTGCAAGAGGCTGGTGGAAAGTCAATGGTGGCTTGGAT 1186
 Db 1021 TTAGATGCTGACAGCAAGAGCTGATATGAAAGCTTGGAGCTGCTTGGAT 1080
 Qy 1187 ATGACACCTGAAAAGATCTGAGCTTGGACCTCAGTTGTGTAAGCTAGCTATGAA 1246
 Db 1081 ATGAGCTTGGAAAGATCTGAGCTTGGACCTCAGTTGTGTAAGCTAGCTATGAA 1140
 Qy 1247 GATCCAAATCGGCGCTGTTTTAAAGAAAAAGAGTGGCAGATGATCTTGTGAGAA 1306
 Db 1141 GATCCAAATGAGCGCTGTTTTAAAGAAAAAGAGTGGCAGATGATCTTGTGAGAA 1200
 Qy 1307 ACCTCATCAGCTTAAAGGCTAATCTTGTATGTTTTGAAATCCGACCTGATGACTTGA 1366
 Db 1201 ACCCTCATCAGCTTAAAGGCTAATCTTGTATGTTTTGAAATCCGACCTGATGACTTGA 1260
 Qy 1367 CAGATAGCTCACTTGGCATCCGTAAGTGAATAGTCTTCTGCTGAAGGCTGAAAGAG 1426
 Db 1261 CAGGATCTTGGCTTGGCAATCCGAGTGAATAGTCTTCTGCTGAAGGCTGAAAGAG 1320
 Qy 1427 GCCCGGAGTAAATGCTATCTTACACAGGATGATCAGATGCAATTCAGAGCTGTT 1486
 Db 1321 GCTGCTGATCAATGCTATCTTACACAGGATGATCAGATGCAATTCAGAGCTGTT 1380
 Qy 1487 GGGGGTAAATCATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1546
 Db 1381 GAGGTTAAATCATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1440
 Qy 1547 GATGACCTTATGATCTTGTGATCCCAAGAGAGAGCAAGCTTGTATTCAGATGAA 1606
 Db 1441 GATGACCTTATGATCTTGTGATCCCAAGAGAGAGCAAGCTTGTATTCAGATGAA 1500
 Qy 1607 AATCTACAAAAATCCCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1666
 Db 1501 AACTCGAGAAAAATCCCAAGAGAGAGCAAGCTTGTATTCAGATGAA 1560
 Qy 1667 AAGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1726
 Db 1561 AAGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1620
 Qy 1727 GCAAGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1786
 Db 1621 GCAAGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1680
 Qy 1787 CTATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1846
 Db 1681 CTATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1740
 Qy 1847 GCAAGTAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1906
 Db 1741 GCAAGTAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1800
 Qy 1907 GCTTGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1966
 Db 1801 GCTTGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1860
 Qy 1967 GGAAGTGAACACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2026
 Db 1861 GGAAGTGAACACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1920
 Qy 2027 GCGCAAGTGAACACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2086
 Db 1921 GCGCAAGTGAACACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1980
 Qy 2087 GCAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2146
 Db 1981 AGGTTGCAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2040
 Qy 2147 GTTGGGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2206
 Db 2041 GTTGGGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2100

Qy 2207 GACGAGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2251
 Db 2101 GATGAGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2145
 RESULT 5
 AA068841
 ID AA068841 standard; cDNA; 2417 BP.
 AC AA068841;
 XX
 DT 07-APR-1995 (first entry)
 XX
 DE Delta-pyrroline-5-carboxylate synthetase (P5CS) coding sequence.
 XX
 KW Delta-pyrroline-5-carboxylate synthetase; P5CS; proline; crop;
 XX biosynthesis; metabolism; sodium chloride; salt; NaCl; drought; de.
 OS Vigna aconitifolia.
 XX
 FH Key Location/Qualifiers
 FT CDS 37..2052
 FT /tag= a
 FT /product= "Delta-pyrroline-5-carboxylate synthetase"
 XX
 PN US534923-A.
 XX
 PD 06-SEP-1994.
 XX
 PF 29-SEP-1992; 92US-00953695.
 XX
 PR 29-SEP-1992; 92US-00953695.
 XX
 PA (OHIS) UNIV OHIO STATE RES FOUND.
 XX
 PI Delaney AJ, Verma DPS, Hu CA;
 XX
 DR MPI; 1994-28553/35.
 DR P-PSDB; AAR61135.
 XX
 PT cDNA clone encoding bifunctional enzyme for proline prodn - useful to
 PT prepare transgenic drought resistant plants.
 PS Claim 1; Fig 1; 17pp; English.
 XX
 CC Delta-pyrroline-5-carboxylate synthetase (P5CS), catalyzes the first two
 CC steps in proline production in plants. By introduction into a plant of a
 CC P5CS cDNA clone, over production of proline is incurred resulting in
 CC increased sodium chloride tolerance and drought resistance. The method
 CC may be used to enhance crop performance under conditions of salt and
 CC drought stress
 CC
 SQ Sequence 2417 BP; 695 A; 445 C; 582 G; 695 T; 0 U; 0 Other;
 Query Match 45.0%; Score 1156.8; DB 2; Length 2417;
 Best Local Similarity 72.7%; Pred. No. 0;
 Matches 1562; Conservative 0; Mismatches 582; Indels 6; Gaps 5;
 Qy 113 GAGCTAATGCTTACGATGCTTTTGCAGAGACGTCAACGTATGCTGTTAAGGTTGG 172
 Db 46 GCGGTGATCTCTTCGCGGCTTCATGAAGACGTGAAGCCTGTGATCATCAAGATTGGC 105
 Qy 173 ACAGAGTTGTTACGTAAGAAAGTGAAGATGAGTGGCTTGTGCTTGTAGAGACGTGT 232
 Db 106 ACCGCGGTGTACTCGGAGAAAGAGTTAGCGTTGGAAGATTGGAGCTCTGTGC 165
 Qy 233 GAACAGCTTGCAGAAATTAATCTCGATGATTTAGGTGATTTGTGTCACTGTGTGCG 292
 Db 166 GAGCAGATTAGCACTCACTCTCGATATACGATTAATACGTCCTCTGCGCC 225
 Qy 293 GTTGTCTTGGAGGCAAGGCTTGTATGACATTAAGCAATTAAGAGCTTGGCGAT 352

Db 226 GTGGATTGAGACCAAGCTACGTTCCGTAATTAATCAACGACGCTTCCGAC 285
 QY 353 CTTCAGAACCTCAGACTGAATTTGATGGAGAGCTTGTGTGTGGACAAAGCACT 412
 Db 286 CTTCAGAAACCCCACTCGAATCTCGACGAGGCTGCGCGCTGTGACAGAAACGT 345
 QY 413 CTATAGCTTACATGAGCTATGTTGACGAGCTTGAACGCGACGCTCACTCTG 472
 Db 346 CTATAGCTTCTACAGATGCTGTCTCACTGATGATGATGATGATGATGATGAT 405
 QY 473 GTGATGACAGTATGTTTGAAGACAGATTTTCAGAGACAACTTAATGAACTGAC 532
 Db 406 GTGACGGAATAGATTTTGAAGATTAAGATTTTCAGAGACAGATTTTCAGAG 465
 QY 533 TCTATGCTTATTTGAGGCTTATTTCAATTTTCAATGAGATGATGATGATGATGAT 592
 Db 466 TCGCTGTGGCGCTGAGGTTATTCGCGTGTCAAGAGACGATGCCCTTGATGAC 525
 QY 593 AGAGCCCATATCAGATTTCTTGGTATTTCTGGGATTAAGATAGCTTACGCTCA 652
 Db 526 AAGGCTCCATAGATTTCTTGGTATTTCTGGGATTAAGATAGCTTACGCTCA 585
 QY 653 CTGCGCTGGAATGAAAGCTGATCTTGTGATTTCTGAGCGATGTTGAGGCTTTAC 712
 Db 586 TTAGCCTTGGAGTTAAAGCCGATCTCTGTTTGTGAGTGAATGAAAGCTTTAC 645
 QY 713 ACAGCCCTTCAAGTATCTTCACTCAAGTGAATCCACTTTTGTAAAGAAACAT 772
 Db 646 AGTGGCCCTCAAGTATCTTCACTCAAGTGAATCCACTTTTGTAAAGAAACAT 705
 QY 773 CAGATGATTAATCACTTGGCGCAAAATCAAGTTAGAGAGAGGAGTTATGACGCA 832
 Db 706 CAGATGATTAATCTTTGGCGCAAAATCAAGTTAGAGAGAGGAGTTATGACGCA 765
 QY 833 GTCAAGCTGCAATGATGAGCTTATGCTGGATTTCTCTCATCAATCAAGTGGAT 892
 Db 766 GTCAAGCTGCAATGATGAGCTTATGCTGGATTTCTCTCATCAATCAAGTGGAT 825
 QY 893 TCACTGAGAACTAGATTAAGATCTTCAAGAGCTAGTGTGAACTTGTTCATCA 952
 Db 826 GCATCGAGAAATCAATTAATGTTTCAAGAGCAAGATGATGATGATGATGATGAT 885
 QY 953 GATGCTGTTATGAGGCTCGCATCAAGATTTCAATGCTGTGACATGCGAGTGTGCG 1012
 Db 886 GATGCAATGATGAGGCTCAAGTAAAGATGATGACGATGATGATGATGATGATG 944
 QY 1013 AGGGAAGTTCCAGAAAGCTTCAAGGCTTATCTTGGAAAGACAGGAA-AAAATCTGCT 1071
 Db 945 AGGGAATGTTCCAGAAAGCTTCAAGGCTTATCTTGGAAAGAAAGAAAGAAATTTTACT 1004
 QY 1072 TGAATTTCCGATGCTTGAAGCAATGTTACTCAATCAAGCTGAGATGAGTTAGA 1131
 Db 1005 TAAATATGCTGATGCTTGAAGCAATGTTACTCAAGCTGAGATGAGTTAGA 1064
 QY 1132 TGTAGCTTGTGACAGAGGCTGAGTGTGAGAGTCAATGAGGCTGCTTGTATGAC 1191
 Db 1065 TGTAGCTTGTGACAGAGGCTGAGTGTGAGAGTCAATGAGGCTGCTTGTATGAC 1124
 QY 1192 ACCTGGAAGATCTGAGCTTCAAGCTTCAAGTCTGATGATGATGATGATGATGAT 1251
 Db 1125 ACCTGGAAGATCTGAGCTTCAAGCTTCAAGTCTGATGATGATGATGATGATGAT 1184
 QY 1252 AATCGGCGCTGTTTAAAGAAACAGAGTGGAGATGCTTGTGTTTGAAGAAAGCTTC 1311
 Db 1185 AATTTGTGAGATTTTAAAGCAAGCTTCAAGTGGCTTAATTTTGAAGAAAGCAATC 1244
 QY 1312 ATCAGCATTAAGCGATCTTGTATGTTTGTATGATCCGACCTGATGACATGACAT 1371
 Db 1245 ATCTCTTTTGGAGTGTCTTATGTTTGTATGATCAGCTGATGATGATGATGATGAT 1304
 QY 1372 AGCTTCACTTGCATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1431
 Db 1305 AGCTTCACTTGCATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1364

QY 1432 GCGATCAATGCTATCTTCAACAGAGTATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1491
 Db 1365 GCGATCAATGCTATCTTCAACAGAGTATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1424
 QY 1492 TAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1551
 Db 1425 AAACTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1484
 QY 1552 CGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1611
 Db 1485 TGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1544
 QY 1612 TACAAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1671
 Db 1545 AACTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1604
 QY 1672 TGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1731
 Db 1605 TGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1664
 QY 1732 CTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1791
 Db 1665 CTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1724
 QY 1792 TGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1851
 Db 1725 GGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1784
 QY 1852 TGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1911
 Db 1785 TGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1844
 QY 1912 CACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1971
 Db 1845 CACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1904
 QY 1972 TGCAACAGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2031
 Db 1905 TGCAACAGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1964
 QY 2032 AGTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2091
 Db 1965 AGTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2024
 QY 2092 TG-GACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2150
 Db 2025 TGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2084
 QY 2151 GGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2210
 Db 2085 AGTT--GAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2141
 QY 2211 GAGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2260
 Db 2142 GTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2191

RESULT 6

AAT77279
 ID AAT77279 standard; cDNA; 2417 BP.

AC AAT77279;

DT 25-MAR-2003 (revised)

DT 26-SEP-1997 (first entry)

DE Delta-pyrroline-5-carboxylate synthetase cDNA from mothbean.

KW P5CS; clone pVAB2; bifunctional enzyme; glutamyl kinase;

KW glutamyl semialdehyde dehydrogenase; proline biosynthesis;

KW glutamine availability; sodium chloride tolerance; salt tolerance;

KW drought resistance; transgenic plant; mothbean; ds.

XX Vigna aconitifolia.
 OS Location/Qualifiers
 XX Key 37. 2052
 FT CDS
 FT //tag= a
 FT /product= "delta1-pyrroline-5-carboxylate synthetase"
 FT /note= "Encodes a bifunctional enzyme with both glutamyl-
 FT kinase and glutamyl semialdehyde dehydrogenase
 FT activities"
 FT 2268..2274
 FT polyA_signal
 FT //tag= b
 XX US5639950-A.
 XX 17-JUN-1997.
 XX 29-JUN-1994; 94US-00267259.
 XX 29-SEP-1992; 92US-00953695.
 XX (OHIS) UNIV OHIO STATE RES FOUND.
 XX DeLauney AJ, Verma DPS, Hu CA;
 XX WPI; 1997-332099/30.
 XX P-PSDB; AAM24386.
 XX Inducing sodium chloride tolerance and drought resistance in plants -
 XX using the Vigna aconitifolia delta-pyrroline-5-carboxylate synthetase.
 XX Claim 3; Fig 1; 19pp; English.
 XX This sequence is the insert from cDNA clone pVAB2 which encodes the
 XX bifunctional enzyme delta1-pyrroline-5-carboxylate synthetase (P5CS). The
 XX P5CS enzyme catalyses both gamma-glutamyl phosphate and glutamic gamma-
 XX semialdehyde production. Transgenic plants transformed with this cDNA
 XX overproduce proline. New roots are better protected under salt stress
 XX conditions by proline accumulation, and are an important component for
 XX overall plant adaptation to cope with drought induced stress. Such plants
 XX thus show improved salt tolerance and resistance to drought. The plants
 XX can also be engineered to express a glutamine synthetase gene to increase
 XX the amount of glutamine available as a substrate for the P5CS. (updated
 XX on 25-MAR-2003 to correct PF field.)
 XX Sequence 2417 BP; 695 A; 445 C; 582 G; 695 T; 0 U; 0 Other;
 XX
 XX Query Match 45.0%; Score 1156.8; DB 2; Length 2417;
 XX Best Local Similarity 72.7%; Pred. No. 0; Mismatches 582; Indels 6; Gaps 5;
 XX Matches 1562; Conservative 0; Mismatches 582; Indels 6; Gaps 5;
 QY 113 GAGCTAGATCGTTCAGTCTTTTCCAGAGAGCTCAAAAGCTATCGTGAAGCTTGG 172
 DB 46 GGGGAGATCTCTCGGGGGTTCATGAGAGCGTGAAGCGTGTGATCACTCAAAAGTTGGC 105
 QY 173 ACAAGAGTGTATCTCGAAAAGTGAAGATTTGGCTGTGCTTTAGAGAGCACTGTGT 232
 DB 106 ACCGCGGTGTACTCGGAAAGAGAGTTAGCGGTGGAATTTGGAGAGCTCTGTGC 165
 QY 223 GAAAGCTTGGCGAATTAACCTCGATGATTTGAGTATTTGATGTCATCTGTGCG 292
 DB 166 GAGCAGATTAAGCACTCACTCTCGATACGATTAATACGTCCTCTGGCCCC 225
 QY 293 GTTGTCTTGGAGGCAAGGCTTGTATGCAATTAAGCATAGAGCTTTGGGAT 352
 DB 226 GTGCGATTGAGCGCAAGGCTAGCTTTGTTAATTAATCAACAGAGCTTTGCCGAC 285
 QY 353 CTTGAGAAAGCTCAGACTGAATTTGATGAGAGGCTTGTGTGTTGACAAAGAGT 412
 DB 286 CTTGAGAAAGCTCAGACTGAATTTGATGAGAGGCTTGTGTGTTGACAAAGAGT 345
 QY 413 CTTAGGCTTATAGAGACTATGTTTGAACGCTTGTATGAGGCGAGCTCAACTCTG 472

DB 346 CTATGGCTCTCTACATAGCTGTTTCATCTAGCTGATGAGACATGGCTCAGCTTCTT 405
 QY 473 GTGAATGACAGTATTTTAAAGACAGAGATTTCCAGAGCACTTAATGAATCTGTCAAG 532
 DB 406 GTGACGATTAAGAGATTTTCGAGATTAAGATTTTCGAGAGAGAGCTTACTGTGAGCTGAG 465
 QY 533 TCTATGCTTGAATTTGAGGGTATTTCAATTTTCAATGAGATGATGCTATAGACCCGA 592
 DB 466 TCGCTTTGGCGCTGAGAGTTATTCGGGTGTTCAATGAGAGAGATGCGCTTATGACAGG 525
 QY 593 AAGGCCCATATACAGATTTCTTGTGATTTTCTGGAGTAAAGATAGCTTACTGCTCTTA 652
 DB 526 AAGGCTCCCTATGAGAGATTTCTGTGATTAATTTGGGATATGATGATTAATCTGCTTTA 585
 QY 653 CTGGGTTGGAACGAAAGCTGATCTGTGATTTCTTCCAGGAGTGTGAAGGCTTTAC 712
 DB 586 TTAGCTTTGAGTTAAAGCCGATCTCTGTGTTTGTGATGATGATGAGAGGCTTTAC 645
 QY 713 ACAGGCCCTCCAGATGATCTTACTCAAAAGTTGATCAACTTTTGTAAAGAAAAAT 772
 DB 646 AGTGCCCTCCAGAGGACCTCATTCAAAGCTTATTAATATTAATCAAAAGAAAAAT 705
 QY 773 CAAGTGAATTAATTTGGGCAAAATCAAGATTAGAGAGAGGGGTATGACCTGCAAA 832
 DB 706 CAGATGAATTAATTTGGGCAAAATCAAGATTAGAGAGAGGGGTATGACCTGCAAA 765
 QY 833 GTCAAGCTGAGTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 892
 DB 766 GTAAAGCTGGGTTCAAGAGCTGAGAGCTGAGAGCTGAGAGCTGAGAGCTGAGAGCT 825
 QY 893 TCAAGTGAATTAATTTGGGCAAAATCAAGATTAGAGAGAGGGGTATGACCTGCAAA 952
 DB 826 GCACTTGAATTAATTTGGGCAAAATCAAGATTAGAGAGAGGGGTATGACCTGCAAA 885
 QY 953 GATGCTGATTAAGGCTCCAGATCAAGATTTCTATGCTGATGATGATGATGATGATGAT 1012
 DB 886 GATGATCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 944
 QY 1013 AGGAAAGTTCAGAAAGCTTCAAGCTTCAAGCTTCAAGCTTCAAGCTTCAAGCTTCAAG 1071
 DB 945 AGGAAAGTTCAGAAAGCTTCAAGCTTCAAGCTTCAAGCTTCAAGCTTCAAGCTTCAAG 1004
 QY 1072 TGAATTTGGGCAATTTTAAAGAAAGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1131
 DB 1005 TAAATTTAGTATGCTTCCAGAGAGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1064
 QY 1132 TGTAGCTTCTGCAAGAGAGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1191
 DB 1065 TGTAGCTTCTGCAAGAGAGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1124
 QY 1192 ACTGGAAGATCTGAGAGCTTCAAGCTTCAAGCTTCAAGCTTCAAGCTTCAAGCTTCAAG 1251
 DB 1125 ACTGGAAGATCTGAGAGCTTCAAGCTTCAAGCTTCAAGCTTCAAGCTTCAAGCTTCAAG 1184
 QY 1252 AATGCGCGGTGTTTAAAGAAAGAGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1311
 DB 1185 AATGCGCGGTGTTTAAAGAAAGAGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1244
 QY 1312 ATACATTAAGCGGATCTTGAATTTTGAATTTTGAATTTTGAATTTTGAATTTTGAAT 1371
 DB 1245 ATCTCTTTGAGAGGCTCTTATTTTGAATTTTGAATTTTGAATTTTGAATTTTGAAT 1304
 QY 1372 AGCTTCACTTGCATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1431
 DB 1305 AGCTTCACTTGCATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1364
 QY 1432 GCGATTAATTTGATCTTCAAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1491
 DB 1365 GCGATTAATTTGATCTTCAAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1424
 QY 1492 TAAACTCATTTGATCTTCAAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1551
 DB 1425 AAAACTTATAGGACTTGTGATCTTCAAGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1484

QY 2093 GCACCTGTCAGAGGTGGGAGTAAACACGAGGAGATCCATGCTCGTCTCACTGCGG 2152
DB 2085 GAGTTGGTGGTGGAGGTTGGCATTAACACAGGAGCGGATCATGCCGTCGACCACTGGGT 2144
QY 2153 GTGCAAGGATCTACTTCAACGAGATGATATATGAGGAGGAAAGCAAGTTGTCACGGA 2212
DB 2145 GTTGAAGGCTCTTAACTACACGATGATCTTGGGAGGAGCTGGGCAAGTGTGAATGAT 2204
QY 2213 GACATGATGATTTTACACCCATCAGACATTCCTCCATCCA 2254
DB 2205 GACAGAGTGTCTGTACACCCATTAAGAGTCTTCTTCCA 2246
RESULT 9
AAC4944
ID AAC4944 standard; DNA; 1343 BP.
XX
AC AAC4944;
XX
DT 18-OCT-2000 (first entry)
XX
DE Arabidopsis thaliana DNA fragment SEQ ID NO: 44716.
XX
KW Hybridisation assay; genetic mapping; gene expression control;
KW protein identification; signal transduction pathway; metabolic pathway;
KW promoter; termination sequence; ss.
XX
OS Arabidopsis thaliana.
XX
PN EP1033405-A2.
XX
PD 06-SEP-2000.
XX
PF 25-FEB-2000; 2000EP-00301439.
XX
PR 25-FEB-1999; 99US-0121825P.
XX
PR 05-MAR-1999; 99US-0123180P.
PR 09-MAR-1999; 99US-0123548P.
PR 23-MAR-1999; 99US-0125788P.
PR 25-MAR-1999; 99US-0126264P.
PR 29-MAR-1999; 99US-0126785P.
PR 01-APR-1999; 99US-0127462P.
PR 06-APR-1999; 99US-0128234P.
PR 08-APR-1999; 99US-0128714P.
PR 16-APR-1999; 99US-0129845P.
PR 19-APR-1999; 99US-0130077P.
PR 21-APR-1999; 99US-0130449P.
PR 23-APR-1999; 99US-0130510P.
PR 23-APR-1999; 99US-0130891P.
PR 28-APR-1999; 99US-0131449P.
PR 30-APR-1999; 99US-0132048P.
PR 30-APR-1999; 99US-0132407P.
PR 04-MAY-1999; 99US-0132484P.
PR 05-MAY-1999; 99US-0132485P.
PR 06-MAY-1999; 99US-0132486P.
PR 06-MAY-1999; 99US-0132487P.
PR 07-MAY-1999; 99US-0132853P.
PR 11-MAY-1999; 99US-0134256P.
PR 14-MAY-1999; 99US-0134218P.
PR 14-MAY-1999; 99US-0134219P.
PR 14-MAY-1999; 99US-0134221P.
PR 14-MAY-1999; 99US-0134370P.
PR 18-MAY-1999; 99US-0134768P.
PR 19-MAY-1999; 99US-0134941P.
PR 20-MAY-1999; 99US-0135144P.
PR 21-MAY-1999; 99US-0135353P.
PR 24-MAY-1999; 99US-0135629P.
PR 25-MAY-1999; 99US-0136021P.
PR 27-MAY-1999; 99US-0136392P.
PR 28-MAY-1999; 99US-0136782P.
PR 01-JUN-1999; 99US-0137222P.
PR 03-JUN-1999; 99US-0137528P.

PR 04-JUN-1999; 99US-0137502P.
PR 07-JUN-1999; 99US-0137724P.
PR 08-JUN-1999; 99US-0138094P.
PR 10-JUN-1999; 99US-0138540P.
PR 10-JUN-1999; 99US-0138847P.
PR 14-JUN-1999; 99US-0139119P.
PR 16-JUN-1999; 99US-0139452P.
PR 16-JUN-1999; 99US-0139453P.
PR 17-JUN-1999; 99US-0139454P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139455P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139456P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139457P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139458P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139459P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139460P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139461P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139462P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139463P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139750P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139753P.
PR 21-JUN-1999; 99US-0139817P.
PR 22-JUN-1999; 99US-0139859P.
PR 23-JUN-1999; 99US-0140353P.
PR 23-JUN-1999; 99US-0140354P.
PR 24-JUN-1999; 99US-0140695P.
PR 28-JUN-1999; 99US-0140823P.
PR 29-JUN-1999; 99US-0140991P.
PR 30-JUN-1999; 99US-0141287P.
PR 01-JUL-1999; 99US-0141842P.
PR 01-JUL-1999; 99US-0142154P.
PR 02-JUL-1999; 99US-0142055P.
PR 06-JUL-1999; 99US-0142390P.
PR 08-JUL-1999; 99US-0142803P.
PR 09-JUL-1999; 99US-0142920P.
PR 13-JUL-1999; 99US-0142977P.
PR 13-JUL-1999; 99US-0143542P.
PR 14-JUL-1999; 99US-0143642P.
PR 15-JUL-1999; 99US-0144005P.
PR 16-JUL-1999; 99US-0144085P.
PR 16-JUL-1999; 99US-0144086P.
PR 19-JUL-1999; 99US-0144325P.
PR 19-JUL-1999; 99US-0144331P.
PR 19-JUL-1999; 99US-0144332P.
PR 19-JUL-1999; 99US-0144333P.
PR 19-JUL-1999; 99US-0144334P.
PR 19-JUL-1999; 99US-0144335P.
PR 20-JUL-1999; 99US-0144352P.
PR 20-JUL-1999; 99US-0144632P.
PR 20-JUL-1999; 99US-0144884P.
PR 21-JUL-1999; 99US-0144884P.
PR 21-JUL-1999; 99US-0145068P.
PR 21-JUL-1999; 99US-0145088P.
PR 22-JUL-1999; 99US-0145089P.
PR 22-JUL-1999; 99US-0145087P.
PR 22-JUL-1999; 99US-0145089P.
PR 22-JUL-1999; 99US-0145192P.
PR 23-JUL-1999; 99US-0145145P.
PR 23-JUL-1999; 99US-0145218P.
PR 23-JUL-1999; 99US-0145228P.
PR 26-JUL-1999; 99US-0145276P.
PR 27-JUL-1999; 99US-0145913P.
PR 27-JUL-1999; 99US-0145918P.
PR 27-JUL-1999; 99US-0145919P.
PR 28-JUL-1999; 99US-0145951P.
PR 02-AUG-1999; 99US-0146386P.
PR 02-AUG-1999; 99US-0146388P.
PR 02-AUG-1999; 99US-0146389P.
PR 03-AUG-1999; 99US-0147038P.
PR 04-AUG-1999; 99US-0147204P.
PR 04-AUG-1999; 99US-0147302P.
PR 05-AUG-1999; 99US-0147192P.
PR 05-AUG-1999; 99US-0147260P.

PR 06-AUG-1999; 99US-0147303P.
 PR 06-AUG-1999; 99US-0147416P.
 PR 09-AUG-1999; 99US-0147493P.
 PR 09-AUG-1999; 99US-0147935P.
 PR 10-AUG-1999; 99US-0148171P.
 PR 11-AUG-1999; 99US-0148319P.
 PR 12-AUG-1999; 99US-0148341P.
 PR 13-AUG-1999; 99US-0148565P.
 PR 13-AUG-1999; 99US-0148684P.
 PR 16-AUG-1999; 99US-0149368P.
 PR 17-AUG-1999; 99US-0149175P.
 PR 18-AUG-1999; 99US-0149426P.
 PR 20-AUG-1999; 99US-0149722P.
 PR 20-AUG-1999; 99US-0149723P.
 PR 20-AUG-1999; 99US-0149929P.
 PR 23-AUG-1999; 99US-0149902P.
 PR 23-AUG-1999; 99US-0149930P.
 PR 25-AUG-1999; 99US-0150566P.
 PR 26-AUG-1999; 99US-0150884P.
 PR 27-AUG-1999; 99US-0151065P.
 PR 27-AUG-1999; 99US-0151066P.
 PR 27-AUG-1999; 99US-0151080P.
 PR 30-AUG-1999; 99US-0151303P.
 PR 31-AUG-1999; 99US-0151438P.
 PR 01-SEP-1999; 99US-0151930P.
 PR 07-SEP-1999; 99US-0152363P.
 PR 10-SEP-1999; 99US-0153070P.
 PR 13-SEP-1999; 99US-0153758P.
 PR 15-SEP-1999; 99US-0154018P.
 PR 16-SEP-1999; 99US-0154039P.
 PR 20-SEP-1999; 99US-0154779P.
 PR 22-SEP-1999; 99US-0155139P.
 PR 23-SEP-1999; 99US-0155486P.
 PR 24-SEP-1999; 99US-0155659P.
 PR 28-SEP-1999; 99US-0156458P.
 PR 29-SEP-1999; 99US-0156596P.
 PR 04-OCT-1999; 99US-0157117P.
 PR 05-OCT-1999; 99US-0157753P.
 PR 06-OCT-1999; 99US-0157865P.
 PR 07-OCT-1999; 99US-0158029P.
 PR 08-OCT-1999; 99US-0158232P.
 PR 12-OCT-1999; 99US-0158369P.
 PR 13-OCT-1999; 99US-0159293P.
 PR 13-OCT-1999; 99US-0159294P.
 PR 13-OCT-1999; 99US-0159295P.
 PR 14-OCT-1999; 99US-0159329P.
 PR 14-OCT-1999; 99US-0159330P.
 PR 14-OCT-1999; 99US-0159331P.
 PR 14-OCT-1999; 99US-0159337P.
 PR 14-OCT-1999; 99US-0159638P.
 PR 18-OCT-1999; 99US-0159584P.
 PR 21-OCT-1999; 99US-0160741P.
 PR 21-OCT-1999; 99US-0160767P.
 PR 21-OCT-1999; 99US-0160768P.
 PR 21-OCT-1999; 99US-0160770P.
 PR 21-OCT-1999; 99US-0160814P.
 PR 21-OCT-1999; 99US-0160815P.
 PR 22-OCT-1999; 99US-0160980P.
 PR 22-OCT-1999; 99US-0160981P.
 PR 22-OCT-1999; 99US-0160989P.
 PR 25-OCT-1999; 99US-0161404P.
 PR 25-OCT-1999; 99US-0161405P.
 PR 25-OCT-1999; 99US-0161406P.
 PR 26-OCT-1999; 99US-0161359P.
 PR 26-OCT-1999; 99US-0161360P.
 PR 26-OCT-1999; 99US-0161361P.
 PR 28-OCT-1999; 99US-0161920P.
 PR 28-OCT-1999; 99US-0161922P.
 PR 28-OCT-1999; 99US-0161993P.
 PR 29-OCT-1999; 99US-0162142P.

Query Match 35.0%; Score 900.4; DB 3; Length 1343;
 Best Local Similarity 86.8%; Pred. No. 2,3e-249;

Matches 991; Conservative 0; Mismatches 151; Indels 0; Gaps 0;
 QY 1110 TCAAGCTGGAATGAGTATGATGATCTTCTGACAAAGAGGCTGGTGGAAAGTCA 1169
 Db 1 TTAAGCTGGAATGATTTAGATGATGCTGACACAAAGCTGATATGAAGACTT 60
 QY 1170 TGTGCTGCTGCTTATGATATGACACCTGGAAAGATCTTCGACCTTCGATTCGTA 1229
 Db 61 TGTAGCTGCTGCTTATGATATGACCTGGAAAGATCTTCGACCTTCGATTCGTA 120
 QY 1230 AGCTAGCTGATATGGAAGATCCAAATCGCCGCTTTTAAAGAAACAGAGTGGCAGATG 1289
 Db 121 AGCTAGCTGATATGGAAGATCCAAATCGCCGCTTATTAAGAAACCTCAGTGGCAGATG 180
 QY 1290 GTCTTGTCTTAAAGAGAGCTCATCACATTAGGCGTACTTCTGATTTGTTGAATCC 1349
 Db 181 ATCTTATTTTAAAGAGAGAGCTCATCACATTAGGCGTACTTCTGATTTGTTGAATCC 240
 QY 1350 GACCTGATGACCTGTATGATGATGATGCTTCACTTGCATCCGTAAGTGAATGCTTCTGC 1409
 Db 241 GGCCTGATGACCTGTATGATGATGATGCTTCACTTGCATCCGTAAGTGAATGCTTCTGC 300
 QY 1410 TGAAGGCTGGAAGAGAGGCTCGTCCGATCAATGCTATCTTACAAAGTGTATCATGATG 1469
 Db 301 TGAAGGCTGGAAGAGAGGCTCGTCCGATCAATGCTATCTTACAAAGTGTATCATGATG 360
 QY 1470 CAATTCGAGAGCTGTTGGGGGTAACTCATTTGAGCTTGTGATCAAGAGAGAGATTC 1529
 Db 361 CAATTCGAGAGCTGTTGGGGGTAACTCATTTGAGCTTGTGATCAAGAGAGAGATTC 420
 QY 1530 CTGATTTGCTTAAAGCTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1589
 Db 421 CTGATTTGCTTAAAGCTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 480
 QY 1590 TTGTTACTGATATTAATAAATATCTAATAAATCCCTGCTAGTGTATGCTGATGATGATG 1649
 Db 481 TTGTTACTGATATTAATAAATATCTAATAAATCCCTGCTAGTGTATGCTGATGATGATG 540
 QY 1650 GTCATGTATATGTCGACAAAGGCTTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1709
 Db 541 GTCATGTATATGTCGACAAAGGCTTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 600
 QY 1710 CAAAGTTGACATATCCAGAGCTGTATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1769
 Db 601 CAAAGTTGACATATCCAGAGCTGTATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 660
 QY 1770 TAGAGCAGATATGCTGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1829
 Db 661 TAGAGCAGATATGCTGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 720
 QY 1830 TGTATGCTGACCAAGGCAAGTAAAGTACTGACATACCAAGCAAGCAAGCTTCAATCAAC 1889
 Db 721 TGTATGCTGACCAAGGCAAGTAAAGTACTGACATACCAAGCAAGCAAGCTTCAATCAAC 780
 QY 1890 ATGATGATGCTGCAAGGCTTGCATCTTGAAGTGTGAAGCGTTATGAGCTATAG 1949
 Db 781 AAGATGATGCTGCAAGGCTTGCATCTTGAAGTGTGAAGCGTTATGAGCTATAG 840
 QY 1950 ATTCATTTACCAAGCAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAG 2009
 Db 841 ATTCATTTACCAAGCAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAG 900
 QY 2010 TTGCAAGCTATTTCTTCCGCAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAG 2069
 Db 901 TTGCAAGCTATTTCTTCCGCAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAG 960
 QY 2070 GATTCCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2129
 Db 961 GATTCCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1020
 QY 2130 TCCATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 2189
 Db 1021 TCCATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1080

QY 2190 GAAAGACAAAGTGTGACGAGACATGATTTTACACCCATCAGACATTCCCA 2249
 DB 1081 GAAAGACAAAGTGTGACGAGACATGATTTTACACCCATCAGACATTCCCG 1140
 QY 2250 TC 2251
 DB 1141 TC 1142

RESULT 10
 ABX57016
 ID ABX57016 standard, DNA, 564 BP.
 AC ABX57016;
 DT 20-FEB-2003 (first entry)
 DE Arabidopsis thaliana polynucleotide #368.
 XX
 XX Thale cress; gene; ds; genetic manipulation; plant; biosynthesis;
 KM genetic modification; environmental stress; disease resistance;
 KM fungicide; insecticide; stress tolerance.
 OS Arabidopsis thaliana.
 XX
 XX US2002040489-A1.
 PD 04-APR-2002.
 PE 26-JAN-2001; 2001US-00770152.
 PR 27-JAN-2000; 2000US-0178503P.

(GORL/) GORLACH J.
 PA (ANYV/) AN Y.
 PA (HAMT/) HAMILTON C M.
 PA (PRIC/) PRICE J L.
 PA (RAIN/) RAINES T M.
 PA (YTRY/) YU Y.
 PA (RAME/) RAMEKA J G.
 PA (PAGE/) PAGE A.
 PA (MATH/) MATHEN A V.
 PA (LEDF/) LEDFORD B L.
 PA (WOES/) WOESSNER J P.
 PA (HAAS/) HAAS N D.
 PA (GARC/) GARCIA C A.
 PA (KRIC/) KRICKER M.
 PA (SLAT/) SLATER T.
 PA (DAVI/) DAVIS K R.
 PA (ALLE/) ALLEN K.
 PA (HOFF/) HOFFMAN N.
 PA (HURB/) HURBAN P.

Gorlach J, An Y, Hamilton CM, Price JL, Raines TM, Yu Y,
 Rameka JG, Page A, Mathew AV, Ledford BL, Woessner JP, Haas ND,
 Garcia CA, Kricker M, Slater T, Davis KR, Allen K, Hoffman N,
 Hurban P;
 MPI, 2003-110410/10.

Novel Arabidopsis thaliana nucleic acid useful for identifying homologous
 or related genes, and to create genetically modified and transgenic
 organisms, such as plant cells and plants.

Claim 1; SEQ ID NO 368; 45bp; English.

The invention relates to Arabidopsis thaliana nucleic acid sequences. The
 CC DNA sequences and the polypeptides they encode are useful for identifying
 CC homologous or related genes, for producing compositions that modulate the
 CC expression or function of the polypeptides, for mapping functional
 CC regions of the protein, in diagnosis, for studying associated
 CC physiological pathways, for genetic manipulation of cells, preferably

CC plant cells, in screening assays of various plant strains to determine
 CC the strains that are capable of withstanding a particular disease or
 CC environmental stress, for enhancing or inhibiting production of
 CC biosynthetic products in plants and to create genetically modified and
 CC transgenic organisms, such as plant cells and plants. Transgenic plants
 CC are useful for introducing or improving disease resistance and stress
 CC tolerance in plants, screening biologically active agents, such as
 CC fungicides and insecticides, and for elucidating biochemical pathways.
 CC Sequences ABX56649-ABX57647 represent Arabidopsis thaliana
 CC polynucleotides of the invention. Note: The sequence data for this patent
 CC did not form part of the printed specification but was obtained in
 CC electronic format directly from USPro at uspto.gov/sequence.html

XX Sequence 564 BP, 151 A, 112 C, 139 G, 162 T, 0 U, 0 Other;
 SQ

Query Match 21.6%; Score 555.6; DB ?; Length 564;
 Best Local Similarity 99.3%; Pred. No. 8,1e-150;
 Matches 558; Conservative 0; Mismatches 4; Indels 0; Gaps 0;

QY 1278 AGTGGCAGATGCTGCTTGTAGAGACCTCATCAGATTAAGGCTACTCTGATTG 1337
 DB 3 ACGGCTCCGATGCTGTCTTAGAGAGACCTCATCAGATTAAGGCTACTCTGATTG 62
 QY 1338 TTTTGAATCCCGACCTGATGCACTTGTACAGATAGCTTCACTTGCCTAGTGGAA 1397
 DB 63 TTTTGAATCCCGACCTGATGCACTTGTACAGATAGCTTCACTTGCCTAGTGGAA 122
 QY 1398 ATGCTCTTCTGCTGAAGGCTGGAAGAGCCCGCGGAGTCAATGATCTTACACAGG 1457
 DB 123 ATGCTCTTCTGCTGAAGGCTGGAAGAGCCCGCGGAGTCAATGATCTTACACAGG 182
 QY 1458 TGATCACTGATGCAATTCAGAGACTGTGGGGGTAAACTCATTTGAACCTTGA 1517
 DB 183 TGATCACTGATGCAATTCAGAGACTGTGGGGGTAAACTCATTTGAACCTTGA 242
 QY 1518 GAGAGAGATTCCTGATTTGCTTAAGCTTGATGACCTTATGATCTTGTATCCCAAG 1577
 DB 243 GAGAGAGATTCCTGATTTGCTTAAGCTTGATGACCTTATGATCTTGTATCCCAAG 302
 QY 1578 GAAGCAACAAGCTTGTACTAGATTAATAAATACTAATAAATCCCTGTAGTGTATG 1637
 DB 303 GAAGCAACAAGCTTGTACTAGATTAATAAATACTAATAAATCCCTGTAGTGTATG 362
 QY 1638 CTGATGATTTGCTGATGATATATGTCGACAAAGCTTGTGATCGGATATGCAAGGCA 1697
 DB 363 CTGATGATTTGCTGATGATATATGTCGACAAAGCTTGTGATCGGATATGCAAGGCA 422
 QY 1698 TAGTTCTGATGCAAGTGTGATCTATCCAGAGCCTGTAATGCGATGAAACCTTCTTG 1757
 DB 423 TAGTTCTGATGCAAGTGTGATCTATCCAGAGCCTGTAATGCGATGAAACCTTCTTG 482
 QY 1758 TGCATTAAGATCTAGAGCAAGATCTGTGTTAATGAGCTTATTTTGTCTGAGAGCA 1817
 DB 483 TGCATTAAGATCTAGAGCAAGATCTGTGTTAATGAGCTTATTTTGTCTGAGAGCA 542
 QY 1818 ATGAGTCACTTTGATGATG 1839
 DB 543 ATGAGTCACTTTGATGATG 564

RESULT 11
 ABX56679
 ID ABX56679 standard, DNA, 594 BP.
 AC ABX56679;
 DT 20-FEB-2003 (first entry)
 DE Arabidopsis thaliana polynucleotide #31.
 XX
 XX Thale cress; gene; ds; genetic manipulation; plant; biosynthesis;
 KM genetic modification; environmental stress; disease resistance;
 KM fungicide; insecticide; stress tolerance.

XX Arabidopsis thaliana.
 OS US2002040489-A1.
 XX 04-APR-2002.
 XX 26-JAN-2001; 2001US-00770152.
 XX 27-JAN-2000; 2000US-0178503P.
 XX (GORL/) GORLACH J.
 PA (ANY/) AN Y.
 PA (HAMI/) HAMILTON C M.
 PA (PRIC/) PRICE J L.
 PA (RAIN/) RAINES T M.
 PA (YUY/) YU Y.
 PA (RAME/) RAMAKA J G.
 PA (PAGE/) PAGE A.
 PA (MATH/) MATHW A V.
 PA (LEDF/) LEDFORD B L.
 PA (WOES/) WOESSNER J P.
 PA (HAAS/) HAAS W D.
 PA (GARC/) GARCIA C A.
 PA (KRICK/) KRICKER M.
 PA (SLAT/) SLATER T.
 PA (DAVI/) DAVIS K R.
 PA (ALLE/) ALLEN K.
 PA (HOFF/) HOFFMAN N.
 PA (HURB/) HURBAN P.
 XX Goriach J, An Y, Hamilton CM, Price JL, Raines TM, Yu Y;
 PI Rameka JG, Page A, Mathew AV, Ledford BL, Woessner JP, Haas WD;
 PI Garcia CA, Kricker M, Slater T, Davis KR, Allen K, Hoffman N;
 PI Hurban P;
 XX WPI; 2003-110410/10.
 XX Novel Arabidopsis thaliana nucleic acid useful for identifying homologous
 PT or related genes, and to create genetically modified and transgenic
 PT organisms, such as plant cells and plants.
 PS Claim 1; SEQ ID NO 31; 45pp; English.
 XX The invention relates to Arabidopsis thaliana nucleic acid sequences. The
 CC DNA sequences and the polypeptides they encode are useful for identifying
 CC homologous or related genes, for producing compositions that modulate the
 CC expression of the protein, in diagnosis, for studying associated
 CC regions of the protein, for genetic manipulation of cells, preferably
 CC physiological pathways, for screening assays of various plant strains to determine
 CC plant cells, in screening assays of various plant strains to determine
 CC the strains that are capable of withstanding a particular disease or
 CC environmental stress, for enhancing or inhibiting production of
 CC biosynthetic products in plants and to create genetically modified and
 CC transgenic organisms, such as plant cells and plants. Transgenic plants
 CC are useful for introducing or improving disease resistance and stresses
 CC tolerance in plants, screening biologically active agents, such as
 CC fungicides and insecticides, and for elucidating biochemical pathways.
 CC Sequences ABX56649-ABX57647 represent Arabidopsis thaliana
 CC polynucleotides of the invention. Note: The sequence data for this patent
 CC did not form part of the printed specification but was obtained in
 CC electronic format directly from USPTO at seqdata.uspto.gov/sequence.html
 CC
 XX Sequence 594 BP; 158 A; 116 C; 144 G; 176 T; 0 U; 0 Other;
 SQ
 Query Match 21.0%; Score 538.8; DB 7; Length 594;
 Best Local Similarity 96.2%; Pred. No. 6e-145;
 Matches 552; Conservative 0; Mismatches 22; Indels 0; Gaps 0;
 OY 1971 GTGCACACAGACTGCTTGTGACAGAGATCGAAGTTGACAGACTTCTTCCGCC 2030
 DB 21 GTGCACACAGACTGCTTGTGACAGAGATCGAAGTTGACAGACTTCTTCCGCC 80

OY 2031 AAGTGATAGCGCTGCTGTGTTCCACAGCCAGACACAGATTCTCAGATGGTTCCGAT 2090
 DB 81 AAGTGACAGCTGCTGCTGTGTTCCACAGCCAGACACAGATTCTCAGATGGTTCCGAT 140
 OY 2091 TTGAACTTGTGACAGAGTGGGGTAAGACCGGACAGATTCATGCTGCTGACG 2150
 DB 141 TCGGACTTGTGACAGAGTGGGGTAAGACCGGACAGATTCATGCTGCTGACG 200
 OY 2151 GGGTCGAAGATTACTTCAACAGAGATGATATGAGAGAAAAGACAGATTGGAGG 2210
 DB 201 GGGTCGAAGATTACTTCAACAGAGATGATATGAGAGAAAAGACAGATTGGAGG 260
 OY 2211 GAGACATGATGATTGTTACACCCATCAGGACATTCCTCAAGCTTAAACAGACTTC 2270
 DB 261 GAGACATGATGATTGTTACACCCATCAGGACATTCCTCAAGCTTAAACAGACTTC 320
 OY 2271 CGAGTGTGTTTGTGATTTGTTGAGTGTGAGAGACACAGAGAGATGGGCTT 2330
 DB 321 CGAGTGTGTTTGTGATTTGTTGAGTGTGAGAGACACAGAGAGATGGGCTT 380
 OY 2331 TTTTGTTCCTCTGCTGCTGTTAGTCTCATATCTATCTATTTATTTACTACTATAT 2390
 DB 381 TTTTGTTCCTCTGCTGCTGTTAGTCTCATATCTATCTATTTATTTACTACTATAT 440
 OY 2391 TATTGAACCCCTGCTTATGATGTTGATTAGGTTAGATTCACCCAAATA 2450
 DB 441 TATTGAACCCCTGCTTATGATGTTGATTAGGTTAGATTCACCCAAATA 500
 OY 2451 GATTCACCTTACCATTAAGTCTGCTCATAGTAAAGTAAAGAACTTATAGCTCT 2510
 DB 501 GATTCACCTTACCATTAAGTCTGCTCATAGTAAAGTAAAGAACTTATAGCTCT 560
 OY 2511 CTCTGTGATTTGATGATGCTTACCTTACATTTCTG 2544
 DB 561 CTCTGTGATTTGATGATGCTTACCTTACATTTCTG 594
 RESULT 12
 ADD18749
 ID ADD18749 standard; DNA; 3256 BP.
 XX
 AC ADD18749;
 DT 15-JAN-2004 (first entry)
 XX
 DE Human disease related protein DNA sequence SegID180.
 XX
 KW human; disease state; cytostatic; antiinflammatory; ophthalmological;
 KW antiarteriosclerotic; vulnerability; gene therapy;
 KW hypoxia-regulated condition; tumorigenesis; angiogenesis; apoptosis;
 KW inflammation; erythropoiesis; glycolysis; gluconeogenesis;
 KW glucose transportation; catecholamine synthesis; iron transport;
 KW nitric oxide synthesis; cancer; ischemic condition; reperfusion injury;
 KW retinopathy; neonatal stress; pre-eclampsia; atherosclerosis;
 KW inflammatory condition; wound healing; gene; ds.
 XX
 OS Homo sapiens.
 XX
 XX WO2003018621-A2.
 XX 06-MAR-2003.
 XX 23-AUG-2001; 2001GB-00020558.
 XX 05-OCT-2001; 2001GB-00024037.
 XX (OXFO-) OXFORD BIOMEDICA UK LTD.
 PA Kingsman SM, White J, Ward NR, Harris RA, Naylor S, Mundy CR;
 PI WPI; 2003-290046/28.
 DR P-PDB; ADD18748.

XX New substantially purified polypeptide, useful for diagnosing or treating
 PT a hypoxia-regulated condition, such as cancer, ischemia, reperfusion
 PT injury, retinopathy, pre-eclampsia, atherosclerosis, inflammation, or
 PT wound healing.

PS Claim 27; SEQ ID NO 180; 424bp; English.

XX This invention relates to novel human genes and gene product which are
 CC implicated in certain disease states. Compounds which modulate the
 CC proteins of the invention may have cytostatic, anti-inflammatory,
 CC ophthalmological, antiretroviral or antiviral activities. The
 CC sequences of the invention may be useful for gene therapy. The invention
 CC may be useful for diagnosing or treating a hypoxia-regulated condition,
 CC such as tumorigenesis, angiogenesis, apoptosis, inflammation,
 CC erythropoiesis, or the biological response to hypoxia conditions
 CC including processes such as glycolysis, gluconeogenesis, glucose
 CC transportation, catecholamine synthesis, iron transport or nitric oxide
 CC synthesis. The disease includes cancer, ischemic conditions, reperfusion
 CC injury, retinopathy, neonatal stress, pre-eclampsia, atherosclerosis,
 CC inflammatory conditions or wound healing. The present sequence is that of
 CC a disease related protein encoding DNA sequence of the invention.

XX Sequence 3256 BP; 828 A; 761 C; 832 G; 834 T; 0 U; 1 Other;

Query Match 13.9%; Score 358.2; DB 9; Length 3256;
 Best Local Similarity 52.4%; Pred. No. 2.6e-82;
 Matches 964; Conservative 0; Mismatches 848; Indels 27; Gaps 7;

386 GCTTGTGCTGTGTGTCAGCAAGAGCTTATGCTTATGAGACTATGTTGACCAAG 445
 335 GCTGTGACAGCTGCGGACAGAGTGGCTGATGGCTGTATGAGGCTATTTTACCAG 594
 446 CTGATGTGACGCGGACCTCACTTCTGATGATGACATGATTTTGAAGACAGATTTTC 505
 535 TACAGCATCTGCTGCGCCAGATTTTGGACCAATTTGATTTTCAATGACAGAG 654
 506 AGAAGCACTTATGAAAGCTGCAAGCTATGCTTATGAGGCTATTTTCAATTTTC 565
 655 CCGCGGACCTCAATGAAACCTTATGAACTCTTATGAAATGAACTGCTCCCATGTC 714
 566 AATGAGATGATGCTATTTAGCAACCGGAGAGCCCC-----ATATCAGGATTTCTTGGT 619
 715 AACCAAAATGATGCTGTTTCCCTCCAGTGAAGCCCAAGTGAACCTTCAAGGGGTTATT 774
 620 ATTTCTGGGATTAACAGATGCTTATGCTGCTTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 679
 775 AGCTTAAAGATTAATATAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 834
 680 CTGATTTCTTGAAGCATGTTGAAGCTTTTACACAGGCTTCCAGATGCTTAACTCA 739
 835 TTGATTTGTTCTTCAATGATGAAAGGCTTTTGAACAGCCCTCCAGGTTCAAGATGCA 894
 740 AAGTGTATCACTTTTGTAAAGAAACATCAAGATGATTAATTTCCGCGACAAA 799
 895 AAGCTTATGATTAATTTATCCCGAGATCAGAGCTG---TGAATTTGGAACCAAG 951
 800 TCAAGATTAGAGAGAGGAGGATGATGCTCAAAAATGCAAGCTGCACTCACTGAT 859
 952 TCTAGAGTGGAGATGGGTGATGAGAGCCAAAGTGAAGAGCCCTCTGGGCTTTGCA 1011
 860 GCTGGGATTTCTGCTCAATCAACAGGAGTATTCAGTGAAGCAATAGATTAAGCTCTC 919
 1012 GGTGGCACTTCTGTTGTTATTTGCAATGAAACCAACCAAGTGTCTGGGACGTCATC 1071
 920 AGAGACTACGATGTGAACTTTGTTCAATCAAGATGCTGTTTATGGGCTCCGATCACA 979
 1072 ACAGACATTTGTGAGGAGGAGAAAGATTTGTT---ACCTTTCTTCAAAATTAAGCTGCA 1128
 980 GATTCTAATGCTGTCATGAGCAGTGTGTCGAGAGGAAAGTTCCAGAAAGCTTCAGGCC 1039
 1129 GGCCCTACTGTTGAGCAGCAGGAGAAATGCGCGATCTGAGAGAAAGATTTGGCACC 1188

1040 TTATCTTGGAGACAGAGAAAATAATCTGCTGATATTTGCGGATGCTTGAAGCAAT 1099
 1189 TTGAACTTGGACAGAGGAGCAAAATATTCATATCTGCTGATCTTGTGACGACAG 1248
 1100 GTTACTACATCAAAAGCTGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1159
 1249 CGTATGATGATCTGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1305
 1160 GAAAGCTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1219
 1306 GAGGCTCTCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1365
 1220 TCACTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1276
 1366 GGTGCTGACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1425
 1277 GAGTGGCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1336
 1426 CGAATGCGCAAAACTTGAAGCTGAACTGAACTGAACTGAACTGAACTGAACTGAACT 1485
 1337 GTTTTGAATCCGACCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1396
 1486 ATCTTTGATCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1545
 1397 AATGCTCTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1456
 1546 AATGCTGTTTATCTAAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1605
 1457 GTGATCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1516
 1606 CTGACCCAGAGAGCTCTCTCAATCCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1665
 1517 AGAAGAGATTTCTGATTTGCTTAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1576
 1666 AGAAGAGATTTGATGATTTTGGCCCTGACGCAAAATGATGATGATGATGATGATGAT 1725
 1577 GGAAGCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1633
 1726 GGTCTTCCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1785
 1634 CATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1693
 1786 CACAGGAGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1845
 1694 CGATGATTTTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1753
 1846 AGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1905
 1754 CTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1813
 1906 TTATATCAAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1965
 1814 AGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1867
 1966 GTGACAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2025
 1868 CCAAGACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1927
 2026 TCGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2085
 1928 GAAAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1987
 2086 GACAACTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2145
 1988 ATTGTGACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2047
 2146 ATGCTGACAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2205
 2048 GTGTTTCAACAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2107
 2206 GTGTTTCAACAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2265
 2108 GTGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2167

Db 2266 GTGGGATCATGATTCAGATTCACGCCCGGGAGCAGTAGACTTGAGGACTGCTT 2325
 QY 2168 ACACGAGATGATATAGAGGAAAAGACAAAGTTTC 2206
 Db 2326 ACTACTAATGCTGCTGCGAGGAGGAGACACGCTGCTC 2364

RESULT 13
 ABN99076/c
 ID ABN99076 standard; DNA; 792 BP.
 AC ABN99076;
 XX 01-AUG-2002 (first entry)
 DT Arabidopsis thaliana expressed polynucleotide SEQ ID NO 844.
 XX Arabidopsis thaliana, plant; insecticide; fungicide; transgenic; stress;
 KM Arabidopsis thaliana, plant; insecticide; fungicide; transgenic; stress;
 KM disease; crop; thale cress; tolerance factor; insect; pathogen;
 KM nutrition; ds.
 XX Arabidopsis thaliana.
 OS Arabidopsis thaliana.
 XX US2002023281-A1.
 PN 21-FEB-2002.
 PD 26-JAN-2001; 2001US-00770445.
 PF 27-JAN-2000; 2000US-0178472P.
 PR (GORL/) GORLACH J.
 XX (ANY/) AN Y.
 PA (HAM/) HAMILTON C M.
 PA (PRIC/) PRICE J L.
 PA (RAIN/) RAINES T M.
 PA (YU/) YU Y.
 PA (RAME/) RAMEKA J G.
 PA (PAGE/) PAGE A.
 PA (MATH/) MATHEN A V.
 PA (LEDF/) LEDFORD B L.
 PA (WOES/) WOESSNER J P.
 PA (HAAS/) HAAS W D.
 PA (GARC/) GARCIA C A.
 PA (KRICK/) KRICKER M.
 PA (SLAT/) SLATER T.
 PA (DAVI/) DAVIS K R.
 PA (ALLE/) ALLEN K.
 PA (HOFF/) HOFFMAN N.
 PA (HURB/) HURBAN P.
 XX Goriach J, An Y, Hamilton CM, Price JL, Raines TM, Yu Y;
 PI Rameka JG, Page A, Mathen AV, Ledford BL, Woessner JP, Haas WD;
 PI Garcia CA, Kricker M, Slater T, Davis KR, Allen K, Hoffman N;
 PI Hurban P;
 DR WPI; 2002-403163/43.
 XX New Arabidopsis thaliana nucleic acid for identifying homologous genes,
 PT producing compositions that modulate the expression or function of its
 PT encoded protein, and mapping functional regions of protein.
 PS Claim 1, SEQ ID NO 844; 49bp + Sequence Listing; English.
 XX The invention relates to an Arabidopsis thaliana nucleic acid (II)
 CC comprising a sequence capable of hybridizing under stringent conditions
 CC to a sequence selected from any one of 999 sequences (ABN99233-ABN99231),
 CC given in the specification or its fragment. A polypeptide (II) encoded by
 CC (I), a transgenic plant (III) comprising an exogenous nucleic acid or a
 CC genetically modified cell (IV) comprising an exogenous nucleic acid, is
 CC useful for screening a candidate agent for its biological effect. (I) is
 CC useful in identifying homologous or related genes, in producing

CC compositions that modulate the expression or function of its encoded
 CC protein, mapping functional regions of the protein and in studying
 CC associated physiological pathways. (I) is also useful for the genetic
 CC manipulation of cells, particularly plant cells. (II) is also useful in
 CC screening assays of various plant strains to determine the strains that
 CC are best capable of withstanding a particular disease or environmental
 CC stress. (III) and (IV) are useful for screening of biologically active
 CC agents, e.g. fungicides, insecticides, etc., for elucidating biochemical
 CC pathways. The screened agents are useful in improved methods of treating
 CC crops to prevent or treat disease. (II) are also useful in screening
 CC programs to identify agents that mimic or enhance the action of tolerance
 CC factors. Such agents are useful in improved methods of treating crops to
 CC enhance their tolerance to environmental stress. (I) is also useful for
 CC enhancing or inhibiting production of a biosynthetic product in a plant.
 CC (III) is useful for identifying other mediators that may induce
 CC expression of proteins of interest, for establishing the extent to which
 CC any specific insect and/or pathogen is responsible for damage to a
 CC particular plant, for identifying other mediators that enhance or induce
 CC tolerance to environmental stress, for identifying factors involved in
 CC biosynthetic pathways of nutritional, commercial, or medicinal value and
 CC for identifying productions of nutritional, commercial or medicinal
 CC value. (IV) is useful in the study of genetic function and regulation,
 CC for alteration of the cellular metabolism and for screening compounds
 CC that may affect the biological function of the gene or gene products.
 CC Note: The sequence data for this patent did not form part of the printed
 CC specification, but was obtained in electronic format directly from USPTO
 CC at seqdata.uspto.gov/sequence.html?docid=99909770445
 XX Sequence 792 BP; 238 A; 167 C; 138 G; 249 T; 0 U; 0 Other;
 SQ

Query Match 13.5%; Score 346.4; DB 6; Length 792;
 Best Local Similarity 83.0%; Pred. No. 3,2e-89;
 Matches 395; Conservative 0; Mismatches 81; Indels 0; Gaps 0;

QY 1776 AGAATGCTGCTTAAGACTTATTTGCTGAGAGCAATGAGTCACTTGTATG 1835
 Db 792 AGAATGCTTTCGATGATCTTATTTATGTTTTCGCAACCAAGGCTACTTGTATG 733
 QY 1836 GTGACCAAGGCGCAAGTGAATCTGAACATACCAAGACCGGTCACTTCAACCATGAGT 1895
 Db 732 GTGGGCCAAGAGCAAGTGAACAACTGAATATTCGGAAACAAATCTTCCACACGAGT 673
 QY 1896 ACTGTGCCAAGGCTTTCGCTTGAATTTGAAGACGTTTATGCTATGATGATACA 1955
 Db 672 ACAATTCGCAAGGCTTTCGCTTGAATTTGAAGACGTTTATGCTATGATGATACA 613
 QY 1956 TTCAACGATGAGAGTGCACACAGACTGCAATTTGACAGAGATCACGAATTTCCAG 2015
 Db 612 TTCAACGATGAGAGTGCACACAGACTGCAATTTGACAGAGATCACGAATTTCCAG 553
 QY 2016 AGCTATTCCTTCCGCAAGTGAATGCGCTGCTGTTCCACACGCAACGAATTTCT 2075
 Db 552 AAATATTCCTTCCGCAAGTGAATGCGCTGCTGTTCCACACGCAACGAATTTCT 493
 QY 2076 CAGATGCTTCCGCAATTTGCACTTGTGCAAGAGTGGGGTAAAGACCGGGCAGATTCATG 2135
 Db 492 CTGATGCTTTCGCAATTTGCACTTGTGCAAGAGTGGGGTAAAGACCGGGCAGATTCATG 433
 QY 2136 CTCGTGCTCAGTCCGGGTCGCAAGATTTACTTACACGAGATGATATAGAGGAAAG 2195
 Db 432 CCGGTGCTCAGTTCGATTTAGAGATTTATGACAAAGATGATATAGAGGAAAG 373
 QY 2196 GACAAAGTGTGAGAGGAGCAATGATTTTACACCAATCAGAGATTTCCATC 2251
 Db 372 GACAAAGTGTGAGAGGAGCAATGATTTTACACCAATCAGAGATTTCCATC 317

RESULT 14
 ABX62288
 ID ABX62288 standard; DNA; 418 BP.
 XX ABX62288;
 AC
 XX

DT 25-FEB-2003 (first entry)
 XX Arabidopsis thaliana expressed sequence related polynucleotide #403.
 DE Arabidopsis thaliana expressed sequence related polynucleotide #403.
 XX Transgenic plant; plant; genetically modified cell; environmental stress;
 KM ribozyme creation; disease resistance; stress tolerance;
 KM fungicide screening; insecticide screening; gene; ds.
 XX Arabidopsis thaliana.
 OS US2002040490-A1.
 XX US2002040490-A1.
 PD 04-APR-2002.
 XX 26-JAN-2001; 2001US-00770423.
 XX 27-JAN-2000; 2000US-0178512P.
 XX (GORLACH J.
 PA (ANYA) AN Y.
 PA (HAMILTON C M.
 PA (PRICE J L.
 PA (RAINE) RAINE T M.
 PA (YUYU) YU Y.
 PA (RAME) RAMEKA J G.
 PA (PAGE) PAGE A.
 PA (MATH) MATHEN A V.
 PA (LEDF) LEDFORD B L.
 PA (WOES) WOESSNER J P.
 PA (HAAS) HAAS W D.
 PA (GARC) GARCIA C A.
 PA (KRICK) KRICKER M.
 PA (SLAT) SLATER T.
 PA (DAVI) DAVIS K R.
 PA (ALLE) ALLEN K.
 PA (HOFF) HOFFMAN N.
 PA (HURB) HURBAN P.
 XX Gorlach J, An Y, Hamilton CM, Price JL, Raines TW, Yu Y,
 PI Rameka JG, Page A, Mathew AV, Ledford BL, Woessner JP, Haas WD,
 PI Garcia CA, Kricker M, Slater T, Davis KR, Allen K, Hoffman N;
 PI Hurban P;
 XX WPI: 2003-110411/10.
 XX Novel Arabidopsis thaliana nucleic acid useful for identifying homologous
 PT or related genes, and to create genetically modified and transgenic
 PT organisms, such as plant cells and plants.
 XX Claim 1; SEQ ID NO 403; 43bp; English.
 XX The invention describes an Arabidopsis thaliana nucleic acid (I). The
 CC polypeptide (II) encoded by (I), transgenic plant (III) or genetically
 CC modified cell (IV) are useful for screening a candidate agent for its
 CC biological effect, by combining the candidate agent with (II), (III) or
 CC (IV), and determining the effect of the candidate agent on (II), (III) or
 CC (IV). (I) is useful for identifying homologous or related genes, for
 CC producing compositions that modulate the expression or function of its
 CC encoded protein, for mapping functional regions of the protein, in
 CC diagnosis, for studying associated physiological pathways, for genetic
 CC manipulation of cells, preferably plant cells, in screening assays of
 CC various plant strains to determine the strains that are capable of
 CC withstanding a particular disease or environmental stress, for enhancing
 CC or inhibiting production of biosynthetic product in a plant, for
 CC producing polypeptides, as probes for the detection of mRNA in biological
 CC samples, to generate additional copies of (I), to generate ribozymes or
 CC oligonucleotides, as single stranded DNA probes or as triple-strand
 CC forming oligonucleotides, and to create genetically modified and
 CC transgenic organisms, such as plant cells and plants. (II) or (III) is
 CC useful for introducing or improving disease resistance and stress
 CC tolerance in plants, screening biological active agents, e.g.,
 CC fungicides, insecticides, etc., and for elucidating biochemical pathways,
 CC (III) is useful as crops for their enhanced disease resistance, enhanced

CC traits of interest, for screening programs, as crops which exhibit
 CC enhanced tolerance to environmental stress, or to produce a factor. This
 CC sequence represents a nucleic acid that may correspond to naturally
 CC occurring Arabidopsis thaliana expressed sequences. Note: The sequence
 CC data for this patent did not form part of the printed specification, but
 CC was obtained in electronic format directly from the US patent office at
 CC seqdata.uspto.gov/sequence.html?docid=99909770423
 XX
 XX Sequence 418 BP, 121 A, 84 C, 103 G, 110 T, 0 U, 0 Other;
 XX
 XX Query Match 12.5%; Score 320.4; DB 7; Length 418;
 XX Best Local Similarity 85.4%; Pred. No. 7.6e-82;
 XX Matches 357; Conservative 0; Mismatches 61; Indels 0; Gaps 0;
 QY 842 GCAGTCATGAGAGCTTATGCTGAGGATCCCTGATCATTAACCACTGGATTTACAGTGGAG 901
 DB 1 GCTGTTAATGACGCTTATGCTGAGGCTTCTTATCATTAACCACTGGATTTACAGTGGAG 60
 QY 902 AACATGATTAAGTCTTCAGAGAGCTAAGTGTGAACTTTGTTCAATCAAGATGCTTCAT 961
 DB 61 AATATGATTAAGTCTTCAGAGAGCTGAGTGTGTTGTTCAATCAAGATGCTTCAT 120
 QY 962 TTATGGCTCCGATGACATGATTTCAATGCTGTCATCAATGAGTGTGAGGAGGAAGT 1021
 DB 121 TTATGGCTCCGATGACATGATTTCAATGCTGTCATCAATGAGTGTGAGGAGGAAGC 180
 QY 1022 TCCAGAAAGCTTCAAGGCTTATCTTCCGAGACAGAGAAATTCCTGCTTGAATTTGCC 1081
 DB 181 TCAAGAAAGCTTCAAGGCTTATCTTCCGAGAGATGAGAAATTCCTGAGATTTGCC 240
 QY 1082 GATGCTCCCTTGAAGCAATGTTACTTCAATCAAGCTGAGATGATGATGATGATGATGAT 1141
 DB 241 AATGCTCCCTTGAAGCAATGTTACTTCAATCAAGCTGAGATGATGATGATGATGATGAT 300
 QY 1142 GCACAAAGAGCTGAGTGTGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1201
 DB 301 GCACAAAGAGCTGAGTGTGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 360
 QY 1202 ATCTGAGGCTTGCAGCTTCACTTGTAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1259
 DB 361 ATCTGAGGCTTGCAGCTTCACTTGTAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 418
 XX
 XX RESULT 15
 XX AACT78003
 XX ID AACT78003 standard; cDNA; 2507 BP.
 XX
 XX AACT78003;
 XX
 XX DT 08-FEB-2001 (first entry)
 XX
 XX Human cancer associated gene sequence SEQ ID NO:397.
 DE Human cancer associated gene; cancer antigen; detection; cancer;
 XX Human; cancer associated gene; cancer antigen; detection; cancer;
 KM diagnosis; cytostatic; proliferative; vulnerable; immunomodulator;
 KM antiinfective; antiaesthetic; antineuritic; antitachycardic; antiviral;
 KM antiinflammatory; antihypertensive; antidiabetic; antidiarrheal; cardiac;
 KM dermatological; neuroprotective; thrombolytic; coagulant; neotropic;
 KM vasotropic; antiproliferative; antineoplastic; gene therapy; inflammation;
 KM immune disorder; hematopoietic cell disorder; autoimmune disorder;
 KM allergic reaction; graft versus host disease; organ rejection;
 KM hemostatic; thrombolytic; cardiovascular disorder; infection;
 KM neurological disease; drug screening; ss.
 XX
 XX Homo sapiens.
 OS
 XX
 XX W0200055350-A1.
 XX
 XX 21-SEP-2000.
 XX
 XX 08-MAR-2000; 2000WO-US005882.
 XX
 XX 12-MAR-1999; 99US-0124270P.

Thu Mar 11 07:51:06 2004

us-10-026-767-2.rng

Page 22

Db 1553 GAAGGACCCACCTGCTC 1568

Search completed: March 10, 2004, 11:20:28
Job time : 889.231 secs

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2004 CompuGen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using SW model

Run on: March 10, 2004, 10:29:50 ; Search time 180.077 Seconds

(without alignments)
7923.149 Million cell updates/sec

Title: US-10-026-767-2

Perfect score: 2571
Sequence: 1 ctgaattattttttacc.....tcaagatactacttttc 2571

Scoring table: IDENTITY NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 682709 seqs, 277475446 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 1365418

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 200000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database :
1: Issued Patents, NA.*
2: /cgn2_6/ptodata/2/ina/5A.COMB.seq:*
3: /cgn2_6/ptodata/2/ina/5B.COMB.seq:*
4: /cgn2_6/ptodata/2/ina/6A.COMB.seq:*
5: /cgn2_6/ptodata/2/ina/6B.COMB.seq:*
6: /cgn2_6/ptodata/2/ina/BACKFILES1.seq:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
score greater than or equal to the score of the result being printed,
and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	1156.8	45.0	2417	1	US-07-953-695A-1
2	1156.8	45.0	2417	1	US-08-267-258-1
3	182.2	7.1	1281	4	US-09-543-681A-1122
4	169.6	6.6	1470	4	US-09-635-587-1
5	137.2	5.3	1830121	4	US-09-643-990A-1
6	137.2	5.2	276	4	US-09-313-294A-1035
7	132.6	4.8	1254	4	US-09-724-623-44
8	124	4.8	261	4	US-09-313-294A-1616
9	122.4	4.8	28171	4	US-08-961-527-22
10	122.4	4.7	1278	4	US-09-328-352-3604
11	120	4.5	291	4	US-09-313-294A-4491
12	115.8	3.8	294	4	US-09-313-294A-6792
13	98.6	3.7	462	4	US-09-107-532A-2515
14	95	3.6	256	4	US-09-313-294A-3665
15	93.2	3.5	1059	4	US-09-489-039A-5838
16	91	3.4	1289	4	US-09-252-991A-5631
17	87.4	3.4	1611	4	US-09-252-991A-5600
18	87.4	3.4	2118	4	US-09-252-991A-5605
19	87.4	2.8	774	4	US-09-107-532A-1786
20	71	2.7	294	4	US-09-134-000C-523
21	69.6	2.7	4403765	3	US-09-103-840A-2
22	68.8	2.7	4411529	3	US-09-103-840A-1
23	68.8	2.2	1164	4	US-09-543-681A-889
24	55.8	2.0	1480	4	US-09-134-000C-1373
25	51.4	1.9	1289	4	US-09-673-395A-139
26	49.6	1.9	852	4	US-09-134-000C-1372
27	49.6	1.9	852	4	US-09-134-000C-1372

28	47.6	1.9	1149	4	US-09-328-352-355	Sequence 355, App
29	47.4	1.8	1125	2	US-08-709-874A-25	Sequence 25, Appl
30	47.4	1.8	1125	3	US-09-104-382-25	Sequence 25, Appl
31	47.4	1.8	1125	4	US-09-833-555-25	Sequence 25, Appl
32	45	1.8	405	4	US-09-252-991A-5562	Sequence 5562, Ap
33	41.2	1.6	7218	4	US-08-232-463-14	Sequence 14, Appl
34	40.4	1.6	1119	4	US-09-107-532A-2997	Sequence 2997, Ap
35	40.2	1.6	3111	4	US-09-543-681A-3564	Sequence 3564, Ap
36	40.2	1.6	1131	4	US-10-204-708-28	Sequence 28, Appl
37	40	1.6	732	4	US-09-489-039A-5895	Sequence 5895, Ap
38	39.6	1.5	732	3	US-08-998-416-1036	Sequence 1036, Ap
39	39.2	1.5	7218	1	US-08-232-463-14	Sequence 14, Appl
40	38.8	1.5	433	4	US-08-976-259-116	Sequence 116, App
41	38.8	1.5	663	3	US-08-998-416-191	Sequence 191, App
42	38.8	1.5	854	3	US-08-998-416-534	Sequence 534, App
43	38.8	1.5	860	3	US-08-998-416-287	Sequence 287, App
44	38.4	1.5	399	4	US-09-621-976-8976	Sequence 8976, Ap
45	38	1.5	1419	1	US-08-242-098-39	Sequence 39, Appl

ALIGNMENTS

RESULT 1
US-07-953-695A-1
Sequence 1, Application US/07953695A
Patent No. 5344923
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: VERMA, D. et al.
TITLE OF INVENTION: Nucleotide Sequence Encoding For Bifunctional Enzymes For Prol
NUMBER OF SEQUENCES: 1
CORRESPONDENCE ADDRESSES:
ADDRESSEE: Krenblae, Foster, and Willard
STREET: 7632 State Ridge Blvd.
CITY: Columbus
STATE: Ohio
COUNTRY: USA
ZIP: 43068
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Diskette, 3.5 inch, 720 Kb storage
COMPUTER: Macintosh
OPERATING SYSTEM: 7.0
SOFTWARE: Microsoft Word
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/07/953, 695A
FILING DATE: 19920929
CLASSIFICATION: 435
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER:
FILING DATE:
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Foster, Frank H.
REGISTRATION NUMBER: 24,560
REFERENCE/DOCKET NUMBER: URF 2-078
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: (614) 575-2100
TELEFAX: (614) 575-2149
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 2417 base pairs
TYPE: NUCLEIC ACID
STRANDEDNESS: double stranded
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: cDNA
DESCRIPTION: Sequence encodes Pyrroline-5-carboxylate synthetase, a bifunctional
FRAGMENT TYPE: N-terminus: N-MESAVDPG--C-terminus: --RRGRGN-C
FRAGMENT TYPE: Internal Fragment: --VDAREMAV--
ORIGINAL SOURCE:
ORGANISM: Vigna aconitifolia
STRAIN: Moltbean
DEVELOPMENTAL STAGE: Root nodules
IMMEDIATE SOURCE:

LIBRARY: cDNA expression library
CLONE: cDNA clone
PUBLICATION INFORMATION:
AUTHORS: Chien-An A. Hu, Ashton J. Delaney and Desh Pal S. Verma
TITLE: A bifunctional enzyme (delta1-pyridine-5-carboxylate synthetase) catalyz
JOURNAL: Proceeding of the National Academy of Science USA
VOLUME: 89
ISSUE: October
PAGES: 9354-9358
DATE: OCT-1992
RELEVANT RESIDUES IN SEQ ID NO: 1: FROM position 37 to position 2049 GenBank M
US-07-953-695A-1

Query Match 45.0%; Score 1156.8; DB 1; Length 2417;
Best Local Similarity 72.7%; Pred. No. 0;
Matches 1562; Conservative 0; Mismatches 582; Indels 6; Gaps 5;

113 GAGCTAGATCGTTCACGCTTTTCCAGAGAGCTCAACGATCGCTTAAAGTTGGG 172
46 GCGGTGATCTTCTCCGGGGTTCATAGAGAGCTGAGCTGTATCATCAAAAGTTGGC 105
173 ACAGCAGTTGTTACTGAAAAAGTGAAGATTGGCTTTGGTCTTTAGAGACATGTGT 232
106 ACCCGGGTGTCACTCCGAAAGAGAGAGTTAGCGGTGAAAGATTGGAGCTCTGTGC 165
233 GACAGCTGGGAAATTAACCTGGATGATTTAGAGTATTTGGTGTATCTGGTGGC 292
166 GAGCAGATTAAGCACTCACTCTCTCGATACGACATTTACTCTCTCTCTGGCCCC 225
293 GTTGGTCTTGGCAGCAAGAGCTTCTGTTATCGACATTAAGTCAATAGACCTTGGCAT 352
226 GTCCGTATTGAGCAGCAAGAGCTGATTCGTTCCGTAATTAATCAACAGCCTTGGCGAC 285
353 CTGAGAGCCTCACTGATGATGAGAGCTTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGT 412
286 CTTCAGAAAGCCCACTGAGCTGAGAGAGAGCTGAGAGAGCTGAGAGAGAGT 345
413 CTATAGCTTACATGAGACTATGTTGACAGCTTATGATGAGAGAGCTGAGAGTCTG 472
346 CTCAAGCTCTCTAGATAGCTGTTCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 405
473 GTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 552
406 GTGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 465
533 TCTATGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 592
466 TCGCTGTTGGCGGAGAGGATTTCCGGTGTTCATAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 525
593 AGAGCCCATATCAGAGATTTCTTGTGATTTTCTGGATTAAGATAGCTTGGCTCTA 652
526 AAGGCTCCCTATGAGAGATTTCTTGTGATTTTCTGGATTAAGATAGCTTGGCTCTA 585
653 CTGGCTGGAAGCTGAAGAGTGTATCTTGTGATTTCTTGTGAGAGAGTGTGAAGCTTTAC 712
586 TTAGCTTGGAGATTAAGAGCGATCTCTTGTGATTTGTTGATGATGATGATGATGAT 645
713 ACAGCCCTCCAGATGATCTTCACTCAAGATTTCACTTGTGATTAAGAGAGAGAGAT 772
646 AGTGCCCTCCAGAGAGCTTCACTCAAGATTTCACTTGTGATTAAGAGAGAGAGAT 705
773 CAAGATGATTAATCACTTGGGAGCAAAATCAAGATTAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAT 832
706 CAGATGATTAATCACTTGGGAGCAAAATCAAGATTAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAT 765
833 GTCAAGCTGAGTCAATGAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 892
766 GTAAAGCTGAGTCAATGAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 825
893 TCAGCTGAGATCAATGAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 952
826 GCACTGAGATCAATGAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 895

953 GATGCTGTTATGAGGCTCCGATCAAGATTTCTATGCTGTGATGAGAGAGTTGCTGC 1012
886 GATCAGATGAGTGGGCTCAAGTAAAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 944
1013 AGGAAAGTTCCAGAAAGCTTCAAGCTTATCTTCCGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1071
945 AGGAAAGTTCCAGAAAGCTTCAAGCTTATCTTCCGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1004
1072 TGAATTTGCGATGCTTGAAGCAATTTGTTACTTCAATCAAGCTGAGATGAGATGAG 1131
1005 TAAATAGCTATGCTTGAAGCAATTTGTTACTTCAATCAAGCTGAGATGAGATGAG 1064
1132 TGAATTTGCGATGCTTGAAGCAATTTGTTACTTCAATCAAGCTGAGATGAGATGAG 1191
1065 TGAATTTGCGATGCTTGAAGCAATTTGTTACTTCAATCAAGCTGAGATGAGATGAG 1124
1192 ACTGGAAGATCTGAGCTTGAAGCAATTTGTTACTTCAATCAAGCTGAGATGAGATGAG 1251
1125 ACTGGAAGATCTGAGCTTGAAGCAATTTGTTACTTCAATCAAGCTGAGATGAGATGAG 1184
1252 AATGCGCGTGTGTTTAAAGAAAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1311
1185 AATGCGCGTGTGTTTAAAGAAAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1244
1312 ATCAATTAAGAGCTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1371
1245 ATCTCTTGGAGAGCTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1304
1372 AGCTTCACTTCCATCCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1431
1305 AGCTTCACTTCCATCCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1364
1432 GCGATCAATGCTATCTTCAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1491
1365 GCGATCAATGCTATCTTCAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1424
1492 TAAATTAAGAGCTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1551
1425 TAAATTAAGAGCTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1484
1552 GCGATCAATGCTATCTTCAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1611
1485 TAAATTAAGAGCTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1544
1612 TAAATTAAGAGCTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1671
1545 TAAATTAAGAGCTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1604
1672 TAAATTAAGAGCTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1731
1605 TAAATTAAGAGCTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1664
1732 TAAATTAAGAGCTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1791
1665 TAAATTAAGAGCTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1724
1792 TAAATTAAGAGCTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1851
1725 TAAATTAAGAGCTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1784
1852 TAAATTAAGAGCTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1911
1785 TAAATTAAGAGCTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1844
1912 TAAATTAAGAGCTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1971
1845 TAAATTAAGAGCTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1904
1972 TAAATTAAGAGCTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2031
1905 TAAATTAAGAGCTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1964
2032 TAAATTAAGAGCTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2091

DB 1965 AGTAGACAGTCTGCTGTTTTCACATGACACCAAGTTAGTAGGGGACGATT 2024
QY 2092 TG-GACTTGTGACAGGTGGGGGTAAAGCAGGCGAGATCCATGCTGCTGCTCAGTGC 2150
DB 2025 TGAGACTAGGCGGAGAGGTGGAATTAAGTCAAGCAGGATTCAGTCCAGGCTCAGTAGC 2084
QY 2151 GGGTCGAAGGATTACTACACAGAGATGATTAATGAGAGAAAAGCAAGTTGTCAGC 2210
DB 2085 AGTT-GAGATTTGTTACACAAAGATGATTAAGG-AGGACAAAGTGTAGATG 2141
QY 2211 GAGCAATGGAATTTTAAACCCATCAGACATTCCTCCATCAGCTTAA 2260
DB 2142 GTGATAGAGGCGTTGCTACACCCACAAAGACCTTGCAATTTAATT 2191

RESULT 2
US-08-267-259-1
Sequence 1, Application US/08267259
Patent No. 5639950
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: VERMA, D. et al.
TITLE OF INVENTION: Nucleotide Sequence Encoding For Bifunctional Enzymes For Pro-
Patent No. 5639950
NUMBER OF SEQUENCES: 1
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESSEE: Krembias, Foster, and Willard
STREET: 7632 Slate Ridge Blvd.
CITY: Columbus
STATE: Ohio
COUNTRY: USA
ZIP: 43068
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Diskette, 3.5 inch, 720 Kb storage
COMPUTER: Macintosh
OPERATING SYSTEM: 7.0
SOFTWARE: Microsoft Word
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/267,259
FILING DATE: 29-JUN-1994
CLASSIFICATION: 435
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: 07/953,695
FILING DATE: 29-SEP-1992
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Foster, Frank H.
REGISTRATION NUMBER: 24,560
REFERENCE/DOCKET NUMBER: DRF 2-078
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: (614) 575-2149
TELEFAX: (614) 575-2149
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 2417 base pairs
AGENTS: nucleic acid
STRANDEDNESS: double stranded
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: CDNA
DESCRIPTION: Sequence encodes Pyrroline-5-carboxylate synthetase, a bifunctional
Patent No. 5639950
FRAGMENT TYPE: N-terminus: N-MEAVDPS--
FRAGMENT TYPE: C-terminus:--RRGWR-C
FRAGMENT TYPE: Internal Fragment:--VDAREMAV--
ORIGINAL SOURCE:
ORGANISM: Vigna aconitifolia
STRAIN: Mochbean
DEVELOPMENTAL STAGE: Root nodules
IMMEDIATE SOURCE:
LIBRARY: CDNA expression library
CLONE: CDNA clone
PUBLICATION INFORMATION:
AUTHORS: Chien-An A. Hu, Ashton J. Delaney and Desh Pal S. Verma
TITLE: A bifunctional enzyme (delta1-pyrroline-5-carboxylate synthetase) catalyz

JOURNAL: Proceeding of the National Academy of Science USA
VOLUME: 89
ISSUE: October
PAGES: 9354-9358
DATE: OCT-1992
RELEVANT RESIDUES IN SEQ ID NO: 1: FROM position 37 to position 2049 GenBank v

Query Match 45.0%; Score 1156.8; DB 1; Length 2417;
Best local similarity 72.7%; Pred. No. 0;
Matches 1562; Conservative 0; Mismatches 582; Indels 6; Gaps 5;

QY 113 GAGCTAGATCGTTACAGCTCTTTGCGAGACGCTCAAGCTATCGTCTTAAGTTGGG 172
DB 46 GCGGTGATCCCTTCGCGGGGTTCATGAGAGAGCTGAGCTGATCATCAAGTTGGC 105
QY 173 ACAGCACTTTTACTGGAAGAAGTGAAGATTGGCTCTGCTTTAGAGCACTGTGT 232
DB 106 ACCGCGGTGTCATCGCGAGAGAGAGAGATTAGCGGTGGAAGATTGGAGCTCTGTGC 165
QY 223 GAACAGCTTGGGAATTAACCTCGATGATTTAGAGTATGATGTGTCATCTGTGCG 292
DB 166 GAGCAGATTAAAGCAATCACTCTCGATACACATTAATACGTCCTCTGCGCC 225
QY 293 GTTGTCTTGGAGGCAAGGCTTGTTATGACATTAAGTCAATGACGCTTGGCGAT 352
DB 226 GTGGATTTAGACGCCAAGGCTAGCTTTCGTAAATTAACACAGCTTGGCGAC 285
QY 353 CTTCAAGGCTCAGACTGAACCTTGATGGAAGCTTGTGCTGTGTCAGAAAGCACT 412
DB 286 CTTCAAGAACCCCACTGAACCTGACGCGCAAGGCTGCGCGCTGGGCAAGACAGT 345
QY 413 CTTATGCTTCTATGACATGATTTTGAACAGCTGATGAGCGGAGCTCACTTCTG 472
DB 346 CTATGAGCTCTTACAGATACGCTGTCTACTAGCTGATGATGACATGGCTCACTTCT 405
QY 473 GTGAATGACAGTATTTTGAAGACAGGATTTCAAGAAAGCACTTAATGAAGTGTGAG 532
DB 406 GTGACGATTAACGATTTTCAGATTAAGATTTTCAGAAAGCACTTACGACACTGTGAG 465
QY 533 TCTATGCTGATTTGAGGCTTATTCATTTTTCATGATGATGATGATGATGACCCGA 592
DB 466 TCGCTGTGGCGCTGAAGGTATTCGCTGTTCATGAGAGAGAGGCTTATGACAGG 525
QY 593 AGAGCCCATATCAGAGATTTCTGATATTTCTGGAATTAAGATGCTTACGCTGCTA 652
DB 526 AAGGCTCCCTATGAGATTTCTGATATTTTGGATTAATGATTAATGATTAATGCTTTA 585
QY 653 CTGGGCTTGAACATGAAGCTGATTTCTGATCTCTGACGATGATGAGGCTTTAC 712
DB 586 TTAGCTTGAAGTAAAGCCGATCTCTGTTGTTGATGATGATGATGATGATGATGAT 645
QY 713 ACAGCCCTTCAAGGATCTTACTCAAGTGAATCCACTTTTGTGTAAGAAAAACAT 772
DB 646 AATGGCCCTTCAAGGATCCCTTATTCAGAGCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTA 705
QY 773 CAAGATGATTAATCTTGGGCGACAAATCAAGATTAAGGAGAGGGGCTATGATGCAAA 832
DB 706 CGAATGAATTAATCTTGGGCGACAAAGCTTAGAGGAGAGAGGAGATGATGATGCAAA 765
QY 833 GTCAAGCTGAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 892
DB 766 GTTAAAGCTGCGCTTCAAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 825
QY 893 TGAAGTGAACATGATTAAGTCTCAAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 952
DB 826 GCACTGGAATTAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 885
QY 953 GATGCTGTTTATGAGGCTCCGATCAGATTTCTATGCTGATGATGATGATGATGATGAT 1012
DB 886 GATGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 944
QY 1013 AAGGAAAGTTCCAGAAAGCTTACGCTTATCTTGTGGAAGACAGGAA-AAAATTCTGCT 1071

Db	945	AGGGAATGTTTCGAGAAAGCTCCAGGCGTTATCTTCAAGGAAAGAAACAAATTTTAACT	1004
Qy	1072	TGATATTCGGATGCCCTTGAAAGCAATGTTACTACATCAATCAAGCTGAGATGATTAGA	1131
Db	1005	TAAATATAGCTGATGCCCTGGAAAGCAATGAAAAATATATCAGATTGAAAAATGAGCTGA	1064
Qy	1132	TGTAGCTCTTCGACAAAGAGCTGGGTTGGAAAGATCATGGATGGCTGCTAGTTATGAC	1191
Db	1065	TGTTACTGCTGCAAAAGACGAGATATGAAAAATCTTGTTGGCTAGGCTAGCTTTAAA	1124
Qy	1192	ACCTGGAAGATCTCGAGGCTTGCAGCTTCAGTTCTGTAAGTACGTATATGAAATCC	1251
Db	1125	ACCTGGGAAGATTCCAGTCTTGCAAAACAATCATCGAATCATTCCTCAATGGAAGATCC	1184
Qy	1252	AATGGCCCGATTTTAAAGAAAAACAAGGTGGCAGATGATCTTGTCTTAGAGAGACTC	1311
Db	1185	AATTGGTGAATATTTAAACGTACCGAGCTTTCAGATGGCTAATTTTGAAGAACATC	1244
Qy	1312	ATCACATTAAGCGTACTTCTGATTTGTTTGAATCCGACCTGATGCACTTGTACGAT	1371
Db	1245	ATCTCCTTTGGAGAGCTCCTTAATGTTTGTGAATCACTCTCATGCTCTTTGTACAGAT	1304
Qy	1372	AGCTTCACTTGGCAATCCGTAGTGGAAATGATCTTCTGTGAAGGTGGAAAGAGGCCG	1431
Db	1305	AGCTTCATGGCAATCCGAGTGGGAATGGGCTTCTCTTGAAGGTGGCAAGAGCTTA	1364
Qy	1432	GCATCAAAATGCTATCTTACACAAGGTGATCACTGATGCAATTCGAGACTGTGGGGG	1491
Db	1365	GCATCAAAATGCAATTTTGCACAAAGTATATTCGAGGCCATACAGATTAATGTTGGTGG	1424
Qy	1492	TAACTCATTTGGACTTGTGACTTTCAGAGAAAGATTCCTGATTTGCTTAGCTTGATGA	1551
Db	1425	AAACTTATTAAGACTTGTGACCTCAAGGAAAGATCCCTAGCTACTTAAGTTGATGA	1484
Qy	1552	CGTTATCGATCTTGTGATCCCAAGAGAGCAACAAGTTGTTACTCAGATPAAAAATAC	1611
Db	1485	TGTAATGATCTGTGTAATTCAGAGAGGCAGATTAACAATCTTGTCTCAGATCAAGAGTTC	1544
Qy	1612	TACAAAAATCCCTGTGCTAGATCATNGCTGATGGAATCTGTATGATATATGTCAGAACGC	1671
Db	1545	AACTAATAATCCTGTTTAAAGTCACTGTAAGGAATTCGCAATGTCATATGTTGATTAATC	1604
Qy	1672	TTGTGATACGATATGCGAAAGCCGATATGTTCTGATCAAAAGTTGAACATAACGACAGC	1731
Db	1605	TGCTAACCTGAGAGATGGCAAGCCGATTTGTTATGATCAAAAGTTGATTTCCGGCAGC	1664
Qy	1732	CTGTATACGATAGGAAACCTTCTTGTGCAATAAGATCTAGAGCGAATGCTGTGCTTAA	1791
Db	1665	CTGCATGTGCATGGAACACTTCTTATCCACAGATTTGATAGAAAGGTTGGCTTAA	1724
Qy	1792	TGAGCTTATTTTGTCTGTGCAGAGCAATGGAATCACTTGTATGTTGAGCAACAAGCCAG	1851
Db	1725	GGAGATCAATCTTGACCTTCCAACTGAAAGGCGTTATATTAATATGTTGGCCCTGTGGCAAG	1784
Qy	1852	TAAATATCGAATACACAGAAAGCCGGTCAATTCACATAGATCTGTGCAAGGCTTG	1911
Db	1785	TTCTCTGTTAATATTTCCACAGCAATTCATTTCACTATGATGCAAGTTGCTGGCTTG	1844
Qy	1912	CACCTGTGAAGTTGTAGAAGAGCTTTATGTTGCTATTAATCAATTCACCGACATGGAG	1971
Db	1845	CACCGCCGAATTTGTGATGACGTGTATGCACTATGATCAATATAAATCTGTATGAGAG	1904
Qy	1972	TGCACACACAGCTGATTTGTAACAGAGATACAGAGTTGAGAGGCTATTCCTTCCGCA	2031
Db	1905	TGCACATATCTGATTTGATCTTGTCTGABATTAACAGATAGCTAATGTTGTTCTACGCA	1966
Qy	2032	AGTGAATAGCGTGTCTGTGTTCCACAACCGCACAACAATTTCTAGATGTTTCGANT	2091
Db	1965	AGTAAACAGTGTCTGTGTTTTCACAATGCAAGACACAGATTCAGTATGGGGCAGATTT	2022
Qy	2092	TG-GACTTGGATCAGAGTGGGGGATGAAGACGGGACGATTCATGCTGCTGTGTCAGTGC	2155

D	b		2025	TGAGACTAAGCGCAGAGATTGGAAATTAAGAACAAGCAAGTTCACCTCCGAAGTCAAG	2084
Oy			2151	GCGTCGAAGATTTACTTACACCAGATGTGATAATGAGAAAAGAACAAATGGTGACG	2210
D	b		2085	AGTT- GAGGATTTGTATACACA-CAGATGTGACTTAAAAAG-AAGGACAAAGTGTGATG	2141
Oy			2211	GAGCAATGGAATTTGTATACACCACCATCAGACATTTCCATCCAAGCTTAA	2260
D	b		2142	GTGATAGAGGGGTGTCTACACCACCAAAGACCTTGCATTTATTTTTAA	2191
RESULT 3					
US-09-543-681A-1122					
; Sequence 1122, Application US/09543681A					
; Patent No. 6605709					
; GENERAL INFORMATION:					
APPLICANT : GARY BRETON					
TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACID AND AMINO ACID SEQUENCES RELATING TO PROTEIN MIRABILIN					
TITLE OR INVENTION: DIAGNOSTICS AND THERAPEUTICS					
FILE REFERENCE: 2709.1002-001					
CURRENT FILING DATE: 2000-04-05					
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/128,706					
PRIOR FILING DATE: 1999-04-09					
NUMBER OF SEQ ID NOS: 8344					
SEQ ID NO: 1122					
LENGTH: 1281					
TYPE: DNA					
ORGANISM: Proteus mirabilis					
US-09-543-681A-1122					
		Query Match	7.1%; Score 182.2; DB 4; Length 1281;		
		Best Local Similarity	48.5%; Pred. No. 1.1e-46;		
		Matches 588; Conservative 0; Mismatches 588; Indels 27; Gaps 2;			
Oy			996	AACATGCCAGTTGTGCGAGGGGAAGTTCCAGAAAGCTTCAGGCTTATCTTCGGAAACA	1055
D	b		38	AAATGGGMAAGCGCGGAGAGACTTCTTGGACCTTAGCTACACTATCAACCAAA	97
Oy			1056	GGAATAAAATCTGCTTGATATATGCCGATGCCCTTGAAGCAATGTATCAATCAAG	1115
D	b		98	AAATACAGCACCTGTATGTACTGCTGATTTATTAGAACAAGCAAGACCATTTATCTTG	157
Oy			1116	CTGAGATGAGTTAGATGTAGCTTCTGCAACAAGGCGTGGTGGAAAGTCAATGCTGG	1175
D	b		158	CTGTAAAGAAAAGATATGTGTGGCGGACAGAGTCTTAATATTAATGTCTGCAATGCTTG	217
Oy			1176	CTGCGTATGATATGACACCTGGAAGAAGATCTGACACCTTCAGCTTCAAGTTGTAAGCTAG	1235
D	b		218	ATCGTTTATTTACTGACATCAACAAGTTTAAAGGATGCGTGAATGTTCGSCAAAGTTT	277
Oy			1236	CTGATATGGAAGATTCATTCGCGCGTCTTTTAAAGAAAACAGAGTGCACATGGTCTTG	1295
D	b		278	GTCACTTAGAAGATCTCTGTAGGTCAAGTATGATGTGCTTTATTTAGACAGTGGCTTAC	337
Oy			1296	TCTTAGAAGAAGCTCATCACCATTTAGCGGTACTTCTGATTTTGGATCCCAGACCTG	1355
D	b		338	GTTTAGAAAGCGCGCGAATCCCTTTAGGGGTGTGTGGCTTATTTACGAAGCTGTCAA	397
Oy			1356	ATGCACTTGTACAGATAGCTTCACTTGGCAATCCGATGCGAATGGAATGCTTCTGCTGAAG	1415
D	b		398	ATGTACATATGATGTATACATCTTTATGCTTAAAGAACAGGAATGCGCTATTTCCCGTG	457
Oy			1416	GTGAAATAGAGGCGCGGAGATCAATGCTATCTTACACAAGGTATCTACTATGCAAT -	1473
D	b		458	GCGGAAAAGAGCTACCATCATCAAGCGGCTTGCGCGGTATTCAGCAAGACACTAG	517
Oy			1474	-----TCGAGACCTGTGGGGGTAACATCATTTGACTGTGACTTCAAGAGAAGA	1526
D	b		518	AAACATGTGCTATTTCTCGGCTGCTATTCAGACTATGATAGCAAGATCCGATTTAG	577
Oy			1527	TTCCGATTTTGGTATAGCTTGTAGCGTATGATCTTGTATCCCAAGAGGAACAA	1586

Db	578	TGCGAAAATCTAAAATGATGATGATATATTTGATATGCTTAATTCCTGAGAGTGATGAC	637
Qy	1587	AGCTTGTTACTCAATATAAAAATATCTACAAAATATCCCGTCTAGTTCATCTGATGACA	1646
Db	638	GATTACATTAAGTATATGTCGTGACATCACTCAATTCCTGTATACACGGGGGGGATGGTG	697
Qy	1647	TCTGTCAATGATATATGTGACAAAGCGTGTGTGATACGGATATATGCAAAAGCGATAGTTCTG	1706
Db	698	TTTGTCACACCTTTGTTGACAAAAGTGCTGATTTAGACAAAGCATTAATATGTTATATA	757
Qy	1707	ATGCAAAATTTGGAATATATCAGACAGCTGTATATGGATGAAAACCTTCTTGATATAG	1766
Db	758	ATGCTAAAGTTCAAGGCTCCAAAGCGCATTAATTCGTTAGAAACGCTATGGTACATGAG	817
Qy	1767	ATCTAGACAGAAATGCTGTGCTTAAT-----GAGCTTATTTTGGCTC	1808
Db	818	CTATATGCCGAAGATTTCTTGCTCTCAATTAAGTATGCGATGCGACACAAAAGTTACTT	877
Qy	1809	TGCAGAGCAATGGAGTCACTTTGTATGGTGGACCAAGGGCAAGTAATCTGAACATAC	1868
Db	878	TGCATGCAATGATCAAGCGCTATATACGATTTGAAAAGAGACGTGCCAGCTGCTGANTG	937
Qy	1869	CAGAAAGCAGGTCATTCAACCATGAGTACTGTGCCAAGGCTTGCACTGTGAATGTTAG	1928
Db	938	TGACAGAAAGCAGATTAATGTGATGATGATGCTATCACTCGAATCTGATATCTTAAGTCGTA	997
Qy	1929	AAGACGTTTATGGTGTCTATATGATATCACTTCAACCGCATGGAGTGTCAACACAGACTGA	1988
Db	998	ATGATTTTAACGGCGGCAATTTGCTCATATTCGCCAAATATGTATACCGCGACATCAATGTGA	1055
Qy	1989	TTGTGACAGAGGATCAAGAAAGTTGCAGAGCTATTCCTTGCCCAATGATATAGCGTGTCTG	2048
Db	1058	TTTTAACCCCAATCTATCACTGATGCTGATGCGTTGTATGCGCCAAATTTCTGCTGTGG	1117
Qy	2049	TGTTCCACAAGCGCCGACACAAGATTCCTCAGATGGTTCCGAATTTGGACTTGGTGCAGAG	2108
Db	1118	TATATGTGAATGTCTAGACACACGTTTACAGATGTGTGACACAGTTTGGCTTAGGTGTGAG	1177
Qy	2109	TGGGGGTAAAGCAGCGGCGAGATCCATGCTCTGTGTCCAGTGGGGGTGCAAGATTACTTA	2168
Db	1178	TAGCGGTAGATACAAAAGCTATGACAGAGGCCCTTATGGGATTAATGCTCTTAACCA	1237
Qy	2169	CAACGAGATGAT 2181	
Db	1238	CCTATTAATGAT 1250	
RESULT 4			
US-09-635-587-1			
Sequence 1, Application US/09635587			
Patent No. 6429307			
GENERAL INFORMATION:			
APPLICANT: HITACHI, LTD			
TITLE OF INVENTION: Promoter of Arabidopsis thaliana for ?l-pyrroline-			
TITLE OF INVENTION: carboxylate-synthetase			
FILE REFERENCE:			
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/635,587			
CURRENT FILING DATE: 2000-08-09			
NUMBER OF SEQ ID NOS: 1			
SEQ ID NO 1			
LENGTH: 1470			
TYPE: DNA			
ORGANISM: Arabidopsis thaliana			
FEATURE:			
NAME/KEY: Promoter			
DATABASE ACCESSION NUMBER: AB022784			
DATABASE ENTRY DATE: 1999-01-28			
US-09-635-587-1			

Qy	1	CAGATTTTAAATTTCTTACCTTAAATACGACGGTGTTACTAGTCCGACTAGTTAAC	60
Db	1278	CAGATTTTAAATTTCTTACCTTAAATACGACGGTGTTACTAGTCCGACTAGTTAAC	133
Qy	61	TGCTTCCTCTCTGTGATGTTTGGTAGACACACACACATTAATGAGAGAGTTAA	120
Db	1338	TGCTTCCTCTCTGTGATGTTTGGTAGACACACACACATTAATGAGAGAGTTAA	139
Qy	121	TGCTTACGTCGTTTTCGCAGAGACGTCAACGTAATGTCGTTAAAGGTTGGACAG	176
Db	1398	TGCTTACGTCGTTTTCGCAGAGACGTCAACGTAATGTCGTTAAAGGTTGGTGAAG	1453

RESULT 5
US-09-557-884-1/c
; Sequence 1, Application US/09557884

TITLE OF INVENTION: The Nucleotide sequence of the Haemophilus influenzae Rd Genome, Fragments Thereof, and Uses Thereof

NUMBER OF SEQUENCES: 1
CORRESPONDENCE ADDRESS:

ADDRESSEE: Human Genome Science
STREET: 9410 Key West Avenue

CITY: ROCKV
STATE: MD
COUNTY: TICA

COUNTRY: USA
ZIP: 20850

COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: 3 1/2 inch diskette
COMPUTER: Dell Pentium

COMPIER: DELL PERCINUM
OPERATING SYSTEM: MS DOS V6.22
SOFTWARE: ASCII Text

COLLIMATED: FOCUS 1000
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: IIS/09/557.884

FILED DATE: 25-Apr-2000
 CLASSIFICATION: <Unknown>

PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: 08/476,102

FILING DATE: JUN-5-1995
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:

NAME: Michelle S. Marks
REGISTRATION NUMBER: 41,971

REFERENCE/DOCKET NUMBER: PB186P3
TELECOMMUNICATION INFORMATION:

TELEPHONE: 301-309-85
TELEFAX: 301-309-8439

FORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:

LENGTH: 1830121 base pairs
TYPE: nucleic acid

STRANDEDNESS: double
TOPOLOGY: linear

SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1:
7-884-1

Match	Score	DB	Length
5.38	137.2	4	1830121

Local Similarity 47.3%; Pred. NO. 2.5e-30;
s 544; Conservative 0; Mismatches 573; Indels 33; Gaps 3

1075 TATTGCCGATGCCCTTGAAGCAATGTTACTACATCAAGAAGCTGAGATGATGATGT 1134

12924 TATTGCAGAACACTCGAACACAAGCACCCTTATCTTAGCCGAAACGCAAGATAT 1312

1135 AGCTTGCACAGAGCGTGGTTGGAAGTCAATGTGTGGTCGCTTAGTTATGACACC 1194

12864 TGAACCTGCCAACAATAATGGATTATCGATGCTTGATTGATCGCTTACTGCTCACA 1312

1195 TCGAAGATCTCGAGCCTTCAGTTCGTAAGCTAGATATGGAAGATCCAAAT 1254

12804 AGAAGCTTACAAAGCATTGGCTAATGATGATGACGCCACGTTATTCTCTAGCAGATCCCGT 1312

QY 1255 CGGCCGTGTTTAAAGAAACAGAGGTGGCAGATGCTTCTTTAGAGAGACCTATC 1314
 DB 1312744 GGGGAAATCATAGCGCGGTACATGGATAGGAGCATTAATAATGAAAGCGGTAGCAC 1312685
 QY 1315 ACCATTAGCGCTACTTCTGATGTTTGTGAATCCGACCTGATCACTTGTACAGATAGC 1374
 DB 1312684 TCCGCTAGCGCTCATTTGATGCAATTTAGAGCTGCGCAATTTAATGATGATGCGC 1312625
 QY 1375 TTCACTTCCCATCCGTAGTGGAAATGCTTCTGCTGAAGGCTGGAAAGAGGCGCGCG 1434
 DB 1312624 AAGCTTTGCGCTTAAAGAGGTTAAAGCAGTATTTAGCGGTGTAAAGAAACACAGTT 1312565
 QY 1435 ATCAATGCTATCTTACACAGATGATCACTGATGCAATTCAGAGACTGTGGGCGGTAA 1494
 DB 1312564 TTCTAACAAAGATTTTAAATGCAAGTGTGCAAAATCCTTTAGAGCAGAGCTTACCAA 1312505
 QY 1495 ACTCATTTGAGACTTGTGACTTC-----AAGAGAGAGATTCCTGATTTGCTTAAAGT 1545
 DB 1312504 ATTTGCGGTGCAAGCATTTACCGATCCAAACCGTGAACCTGTTATGCAATTTAAACT 1312445
 QY 1546 TGATGACGTTATGATCTGTTGATGCCAAGAGAAAGCAAGCTTGTACTCAGATAA 1605
 DB 1312444 GATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1312385
 QY 1606 AATATCTACAAATCCCTGCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1665
 DB 1312384 ACAATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1312325
 QY 1666 CAAGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1725
 DB 1312324 AAAAAAGTGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1312265
 QY 1726 AGCAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1785
 DB 1312264 AAGCAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1312205
 QY 1786 GCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1845
 DB 1312204 AACTTATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1312148
 QY 1846 GGCAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1884
 DB 1312147 GGCAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1312088
 QY 1885 CAACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1944
 DB 1312087 GCGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1312028
 QY 1945 TATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2004
 DB 1312027 TATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1311968
 QY 2005 CGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2064
 DB 1311967 AAGCTTACCGCTCATTTATCAATCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1311908
 QY 2065 CACAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2124
 DB 1311907 CACAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1311848
 QY 2125 CAGAT 2184
 DB 1311847 AAAATCTTACCGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1311788
 QY 2185 GAGAGAGAAA 2194
 DB 1311787 TGAAGGCGAA 1311778

RESULT 6
 US-09-643-990A-1/c
 ; Sequence 1, Application US/09643990A

Patent No. 6528289
 GENERAL INFORMATION:
 APPLICANT: Robert D. Fleischmann
 Mark D. Adams
 Owen White
 Hamilton O. Smith
 J. Craig Venter
 TITLE OF INVENTION: The Nucleotide sequence of the Haemophilus influenzae Rd Genome, Fragments thereof, and Uses thereof
 NUMBER OF SEQUENCES: 1
 CORRESPONDENCE ADDRESS:
 ADDRESSEE: Human Genome Sciences, Inc.
 STREET: 9410 Key West Avenue
 CITY: Rockville,
 STATE: MD
 COUNTRY: USA
 ZIP: 20850
 COMPUTER READABLE FORM:
 MEDIUM TYPE: 3 1/2 inch diskette
 COMPUTER: Dell Pentium
 OPERATING SYSTEM: MS DOS V6.22
 SOFTWARE: ASCII Text
 CURRENT APPLICATION DATA:
 APPLICATION NUMBER: US/09/643,990A
 FILING DATE: 23-Aug-2000
 CLASSIFICATION: <Unknown>
 PRIOR APPLICATION DATA:
 APPLICATION NUMBER: 08/487,429
 FILING DATE: 1995-06-07
 APPLICATION NUMBER: 08/426,787
 FILING DATE: 1995-04-21
 ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
 NAME: Kenley K. Hoover
 REGISTRATION NUMBER: 40,302
 REFERENCE/DOCKET NUMBER: FB186P1C1
 TELECOMMUNICATION INFORMATION:
 TELEPHONE: 301-610-5790
 TELEFAX: 310-309-8439
 INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
 SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 LENGTH: 1830121 base pairs
 TYPE: nucleic acid
 STRANDEDNESS: double
 TOPOLOGY: linear
 SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1:
 US-09-643-990A-1
 Query Match 5.3%; Score 137.2; DB 4; Length 1830121;
 Best Local Similarity 47.3%; Pred. No. 2.5e-30;
 Matches 544; Conservative 0; Mismatches 573; Indels 33; Gaps 3;
 QY 1075 TATGCGCATGCCCTTGAAGCAATGTTACTACAAATCAAGCTGAGAAATGATGATG 1134
 DB 1312924 TATGCGCAACCACTCGAACAAGCAACCGCTTATCTTACCGCAAAAGCAAGAT 1312865
 QY 1135 AGCTTGTGCAAGAAGCGGTGGTGAAGAGTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1194
 DB 1312864 TGAATCTGCAACCAAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1312805
 QY 1195 TGAAGAATCTGAGCCTTGACGCTTCACTTGTGAAGTACTGATGATGATGATGATGATGATGAT 1254
 DB 1312804 ABAAGCTTACAAGCATGCTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1312745
 QY 1255 CGCGCGTGTAAAGAAACAGAGGTGGCAGATGCTTGTCTTGAAGAAAGACTCATC 1314
 DB 1312744 GGGGAAATCATAGCGCGGTACATGGATAGGAGCATTAATAATGAAAGCGGTAGCAC 1312685
 QY 1315 ACCATTAGCGCTACTTCTGATGTTTGTGAATCCGACCTGATCACTTGTACAGATAGC 1374
 DB 1312684 TCCGCTAGCGCTCATTTGATGCAATTTAGAGCTGCGCAATTTAATGATGATGATGATGATGAT 1312625
 QY 1375 TTCACTTCCCATCCGTAGTGGAAATGCTTCTGCTGAAGGCTGGAAAGAGGCGCGCG 1434

```

Db 1312624 AGCTCTTGGCTTAAACGGGTAATGCAAGTATTTTACCGGGTGTAAAGAACCAAGTT 1312565
Qy 1435 ATCAAAATGCTATCTTACACAAGGTGATCACTGATGCAATTCAGAGACTGTTGGGGGTAA 1494
Db 1312564 TTCTAACAGATTTTATGAGAGTTGTGCAAAATGCTTAGAGCAAGCGCTTACCAA 1312505
Qy 1495 ACCTATGCACTTGTACTTC-----AGAGAGAGATTTCTGATTTGCTTAAGCT 1545
Db 1312504 ATTGGGGTGCAGCAACGATTAACGATCAAAACCGTGAACGCTTATGCAATTTAAACT 1312445
Qy 1546 TGATGACGTTATGATCTTGTGTGATCCCAAGAGAACCAAGACTGTTACTCAGATTA 1605
Db 1312444 GATTCGCTATGATGATATGATTTATTCCTGTGTGTGGGTTTACAGAAATGATGA 1312385
Qy 1606 AATATCTACAAAATCCCTGTGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1665
Db 1312384 ACAACATTCGATCTTCTGTTATTTGTGGGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGA 1312325
Qy 1666 CAGGCTGTGATACGGAATATGCAAGCGCATAGTTTCTGATGCAAAAGTTGACTATCC 1725
Db 1312324 AAAAATGCGGATCAAAATTAAGCGATTTTGTATGATTAAGCAAAACCAAGCTCC 1312265
Qy 1726 AGCAAGCTGTATGCAATGGAACCCCTTCTGTGCAAAAGATCTAGACAGATGCTGT 1785
Db 1312264 AACCACTGTATACCAATTTGGAACATTTGATTAATCAATTTGCTGAAGAAATTTT 1312205
Qy 1786 GCTTATGACCTATTTTGTCTGTGCAAGCATGAGATCACTTGTATGTGTGCAAG 1845
Db 1312204 ACCTA--AAGTGTCTTCACTTCCGCTAAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1312148
Qy 1846 GCGAAGTATGATCTGAAACATACAG-----AAGCAGGCTATT 1884
Db 1312147 CGCACTTATATATTGAAACAGCGGGTGCAGATGTCTGGAAGTACAGAAAGAAATT 1312088
Qy 1885 CAACATGATGATCTGTGCAAGGCTTGCATGTTGAAGTTGTGAAGAGCTTTAAGTGTCC 1944
Db 1312087 GCGAAGATGAGGATCATTTGATTTGAATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTCC 1312028
Qy 1945 TATAGATCATCATTCACCGACATGAGAGTGCACACAGACTGATGTCAGAGAGATCA 2004
Db 1312027 TATTTGACATATCCGCAATATGTAAGCAATTCGAAAGATTTTAACTTCCACACA 1311968
Qy 2005 CGAAGTTGCAAGATTTCTTGTGCAAGTATGAGCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 2064
Db 1311967 AAGCTTACCGCTTCAATTTATCAATCAAGTTGATGCGGACGCTTATGTAATCAAG 1311908
Qy 2065 CACAAGATTCAGATGATTTCCGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTT 2124
Db 1311907 CACAGCTTACTGATGCGGACATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTT 1311848
Qy 2125 CAGATCATGCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 2184
Db 1311847 AAACTTACGCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1311788
Qy 2185 GAGAGGAAA 2194
Db 1311787 TGAAGGCGAA 1311778

```

```

RESULT 7
US-09-313-294A-1035
; Sequence 1035, Application US/09313294A
; Patent No. 6476212
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Lalundi, Raghunath V.
; APPLICANT: Ito, Laura Y.
; APPLICANT: Sherman, Bradley K.
; TITLE OF INVENTION: POLYNUCLEOTIDES AND POLYPEPTIDES DERIVED FROM CORN EAR
; FILE REFERENCE: PL-0017 US
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/313,294A
; CURRENT FILING DATE: 1999-05-14
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 7600

```

```

; SOFTWARE: PERL Program
; SEQ ID NO 1035
; LENGTH: 276
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Zea mays
; FEATURE:
; NAME/KEY: misc feature
; OTHER INFORMATION: Incyte ID No. 6476212 70055027.H1
; NAME/KEY: unsure
; LOCATION: 6, 28, 56, 118, 144, 182, 237, 245, 256
; OTHER INFORMATION: a, c, g, or other
US-09-313-294A-1035

```

```

Query Match 5.2%; Score 132.6; DB 4; Length 276;
Best Local Similarity 70.3%; Pred. No. 1,5e-31;
Matches 185; Conservative 0; Mismatches 77; Indels 1; Gaps 1;

```

```

Qy 582 TTACACCCGAGAGCCCATATCAGATTTCTGTGATTTTCTGGAATTAAGATAGCT 641
Db 1 TCACGCTAGAGAGGCTCCATATGAGGATTCATCTGTATATCTGGATTAATGATG 60
Qy 642 TAGCTGCTACTGCGGTGGAAGCTGAACTGATCTTCTGATTTCTGAGGATGTTG 701
Db 61 TAGCTGCTTTTGTGCTATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTT 120
Qy 702 AAGCTTTTACAGAGGCTTCCA-AGTATCTTAACTCAAGTTGATCAACTTTGTT 760
Db 121 ATGCTATACAGGGGTCCACAGAGGCAACCGGATCAAGATCAATTAATTAATTAATTA 180
Qy 761 AAAAATAAATCAATGATGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTT 820
Db 181 AAGATTAATCAATTAATGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTT 240
Qy 821 ATGACTGCAAAAGTCAAGCTGC 843
Db 241 ATGAGTAAAGTGNAGGCTGC 263

```

```

RESULT 8
US-09-724-623-44
; Sequence 44, Application US/09724623
; Patent No. 6476209
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Glenn, Matthew
; APPLICANT: Lubbers, Mark W
; APPLICANT: Dekker, James
; TITLE OF INVENTION: Polynucleotides, materials incorporating
; FILE REFERENCE: 1048U1
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/724,623
; CURRENT FILING DATE: 2000-11-28
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 124
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 44
; LENGTH: 1254
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Lactobacillus rhamnosus
US-09-724-623-44

```

```

Query Match 4.8%; Score 124; DB 4; Length 1254;
Best Local Similarity 46.9%; Pred. No. 2.2e-28;
Matches 545; Conservative 0; Mismatches 590; Indels 27; Gaps 4;

```

```

Qy 1068 TGCTGATATGCGCATGCGCTTGAAGCAATGTTACTACATCAATCAAGCTGAGATGAT 1127
Db 101 TGTGGCCATGTTAGGCTCTTTGAAGCATTAAGCAATTTTGGAGCTATATCATG 160
Qy 1128 TAGATGATGCTTCTGACAGAGGCTGTTGGAAGCTCAATGCTGCTGCTTAAGTA 1187
Db 161 AAGATCTAAAGCGCA-----GGAAGCTGCGGCTTAAGCTCAAGGATGATGATGAT 214
Qy 1188 TGACACCTGAAAGATTCGAGGCTTGAGCTTCAAGTTGATTAAGTATGATGATG 1247

```


PRIOR APPLICATION DATA:
 APPLICATION NUMBER:
 FILING DATE:
 ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
 NAME: Brookes, A. Anders
 REGISTRATION NUMBER: 36,373
 REFERENCE/DOCKET NUMBER: P3340P1
 TELECOMMUNICATION INFORMATION:
 TELEPHONE: (301) 309-8504
 TELEFAX: (301) 309-8512
 INFORMATION FOR SEQ ID NO: 22:
 SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 LENGTH: 28171 base pairs
 TYPE: nucleic acid
 STRANDEDNESS: double
 TOPOLOGY: linear
 US-08-961-527-22

Query Match 4.8%; Score 122.4; DB 4; Length 28171;
 Best Local Similarity 47.0%; Pred. No. 6.3e-27;
 Matches 578; Conservative 0; Mismatches 616; Indels 36; Gaps 5;

1049 GAAGACAGAAAAAATTTCTGATATGTCAGTCCCTGTAAGCAATGTTACTACA 1108
 5903 GAAGTGAACCAAGCCCTGTCAGCAAGCTGATCACTTAGGCTGCTACTGAGGA 5962
 1109 ATCAAGCTGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1168
 5963 ATTTTAGGCTATATGCTGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 6019
 1169 ATGCTGCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1228
 6020 ATGTTGATGCTCTTTATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 6079
 1229 AAGCTAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1288
 6080 GAATGCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6139
 1289 GGTCTTGTCTTGAAGAAACCTCTACCACTTAGGCTGATGATGATGATGATGATGAT 1348
 6140 GGTGTTGTTATCAAAAAACGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 6199
 1349 CGACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1408
 6200 GCTCAAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6259
 1409 CTGAAGGCTGGAAGAGAGCCCGGATCAAA--ATCTATCTTACACAGATGATCACT 1465
 6260 CTTCGTAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6319
 1466 GATGCAATTCAGAGACTGTTGGGGGTAACCTCACTGATGATGATGATGATGATGAT 1519
 6320 GGTCTGAGAGAGACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6379
 1520 GAAGAGATTCCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1579
 6380 GAAAGTACTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6439
 1580 AGCAACAGCTTGTACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1639
 6440 GGAAGCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6499
 1640 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1699
 6500 ACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6559
 1700 GTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1759
 6560 ATCAACATGCTTAACCAAGTGTCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6619
 1760 CATAGAG-----CTTGAAGAGATGCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1798
 6620 CATAG 6679

1799 ATTTTGTCT--CTGACAGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1855
 6680 AAGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6739
 1856 ATACTGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1915
 6740 TCAAGTCAAGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6799
 1916 GTTGAAGTTGTAAGAGCTTTATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1975
 6800 GTTGAAGTTGTAAGAGCTTTATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6859
 1976 CACACAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2035
 6860 CATTCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6919
 2036 GATAGCGCTGCTGTTTCCACACCGCAGCACAGATTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2095
 6920 GACTCTGACGCGGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6979
 2096 CTTCGTCAGAGTGGGGGTTAAGCAGGCGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2155
 6980 CTTCGTCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7039
 2156 GAAGATTTACTTACACAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2215
 7040 AAGAGTTGACAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7099
 2216 AATGATTTGTTTACACCATCAGACATT 2245
 7100 ATGAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7129

RESULT 11

US-09-328-352-3804
 ; Sequence 3804; Application US/09328352
 ; Patent No. 6562958
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Gary L. Breton et al.
 ; TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACID AND AMINO ACID SEQUENCES RELATING TO ACINETOBACTER
 ; TITLE OF INVENTION: BAUMANNII FOR DIAGNOSTICS AND THERAPEUTICS
 ; FILE REFERENCE: GTC99-03PA
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/328,352
 ; CURRENT FILING DATE: 1999-06-04
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 8252
 ; SEQ ID NO 3804
 ; LENGTH: 1278
 ; TYPE: DNA
 ; ORGANISM: Acinetobacter baumannii
 US-09-328-352-3804

Query Match 4.7%; Score 120; DB 4; Length 1278;
 Best Local Similarity 48.2%; Pred. No. 4.1e-27;
 Matches 472; Conservative 0; Mismatches 490; Indels 18; Gaps 4;

1242 TGAAGATTCATGCGCGCTGTTTAAAGAAACAGAGGTGGCAGATGCTTGTCTTGA 1301
 230 TTGTTGATTCATGCGGAAATTAAGATCTTGATATGCGCCACAGGCAATCAATG 349
 1302 AGAAGACTCATCAACCATTTAGGCGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1361
 350 GGAAGATGCGGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 409
 1362 TTGTAAGATGCTTCACTTGCATCCGTAAGTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1421
 410 CACTTGAAGCTGCACTTTTACCAATTAATGGGCAATGCAATTAATTTTACGTTGCT 469
 1422 AGAAGCGCGGAGATCAATCTATCTTACACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1481
 470 CAGAGCACTTGAAGCAATTAAGCAATGCAAGAGCGGTGAACATGCTTAAGATG 529
 1482 CTGTTGGGGGTAACCTCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1552

Db 247 GATTTCGTAACCTCAGAGCTGTGTGTGGAGGAGAGGCTCC 293

RESULT 14
US-09-107-532A-2515
Sequence 2515, Application US/09107532A
Patent No. 6583275

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: Lynn A Doucette-Stamm and David Bush

TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACID AND AMINO ACID SEQUENCES RELATING TO
ENTEROCOCCUS FAECIUM FOR DIAGNOSTICS AND THERAPEUTICS

NUMBER OF SEQUENCES: 7310

CORRESPONDENCE ADDRESS:

ADDRESSEE: GENOME THERAPEUTICS CORPORATION

STREET: 100 Beaver Street

CITY: Waltham

STATE: Massachusetts

COUNTRY: USA

ZIP: 02354

COMPUTER READABLE FORM:

MEDIUM TYPE: CD/ROM ISO9660

OPERATING SYSTEM: <Unknown>

SOFTWARE: ASCII

CURRENT APPLICATION DATA:

APPLICATION NUMBER: US/09/107,532A

FILING DATE: 30-Jun-1998

PRIOR APPLICATION DATA:

APPLICATION NUMBER: 60/085,598

FILING DATE: 14 May 1998

APPLICATION NUMBER: 60/051571

FILING DATE: July 2, 1997

ATTORNEY/AGENT INFORMATION:

NAME: Arinello, Pamela Denke

REGISTRATION NUMBER: 40,489

REFERENCE/DOCKET NUMBER: GTC-012

TELECOMMUNICATION INFORMATION:

TELEPHONE: (781) 893-5007

TELEFAX: (781) 893-8277

INFORMATION FOR SEQ ID NO: 2515:

SEQUENCE CHARACTERISTICS:

LENGTH: 462 base pairs

TYPE: nucleic acid

STRANDEDNESS: double

TOPOLOGY: circular

MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

HYPOTHEICAL: NO

ANTI-SENSE: NO

ORIGINAL SOURCE:

ORGANISM: Enterococcus faecium

FEATURE:

NAME/KEY: misc feature

LOCATION: (B) LOCATION 1...462

SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 2515:

US-09-107-532A-2515

Query Match

Best Local Similarity 3.7%; Score 95; DB 4; Length 462;

Mismatches 170; Conservative 0; Mismatches 125; Indels 0; Gaps 0;

Db 1914 CTGTGAAGTTTGAAGAGCTTTATGTCTATATGATCATTCACCGACATGGAGTG 1973

Db 164 CTGTCAAGTGTGTGATCTTTGATGAAACATTCACATTCATTCGACATTAATCTA 223

Db 1974 CACACAGACTGATGTGACAGAGGATCAGAAAGTTGAGAGCTATTCCTCGCCAAG 2033

Db 224 AACATTCAGAAAGATGTGATAGATAGTATGCGGTAGTCAAGCTTTCTTAATGAAG 283

Db 2034 TGAATAGGCTGCTGTGTTCACAAAGCCAGCAGACATTCAGATGTTTCCGATTG 2093

Db 284 TGAACGGCGGCGTGTATGTCAATGCTTCACACTGTTTACAGAGGATCGGATTGG 343

Qy 2094 GACTTGTGACAGAGTGGGGTAAAGCAGGCGAGATCCATGCTGTGTCCAGTCGGGG 2153

Db 344 GTTTGGTGCAGAGATTTGATCTCTACTCAAAAGTTGCATGCCCGGTCCATGGCGT 403

Qy 2154 TCGAAGATTACTTACCAACGAGATGATTAATGAGAGAAAAGACAAAGTTGTGCA 2208

Db 404 TAAATGATTAATCTCCACAAATATATCATTTATGCGATGAGCAAAATCCGGCA 458

RESULT 15

US-09-313-294A-3665

Sequence 3665, Application US/09313294A

Patent No. 6476212

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: Ito, Laura Y.

APPLICANT: Ito, Laura Y.

APPLICANT: Sherman, Bradley K.

TITLE OF INVENTION: POLYNUCLEOTIDES AND POLYPEPTIDES DERIVED FROM CORN EAR

FILE REFERENCE: PL-0017 US

CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/313,294A

NUMBER OF SEQ ID NOS: 7600

SOFTWARE: PERL Program

SEQ ID NO 3665

LENGTH: 256

TYPE: DNA

ORGANISM: Zea mays

FEATURE:

NAME/KEY: misc feature

OTHER INFORMATION: Incycle ID No. 6476212 700612075H1

US-09-313-294A-3665

Query Match

Best Local Similarity 3.6%; Score 93.2; DB 4; Length 256;

Mismatches 152; Conservative 0; Mismatches 98; Indels 0; Gaps 0;

Db 90 AGACGACGACGACGATATATGAGAGGAGCTAGATCGTTCGCTTTTCCAGAGAGCTCA 149

Db 7 AGCCCCGGGGGGGTATGATGCGCACCGCAGACGACCGGATTTTCATGAAGAGCTCA 66

Qy 150 AACGATGCTGTTAAAGTTGGGACAGCAATGTTTACTGAAAAAGCGAAGATTGGCTC 209

Db 67 AACGCTATATCAAGGTGGGCACTGCAAGTTGCAAGAGCATGATGGCGAGATCA 126

Qy 210 TTGTCGTTTGAAGACCTGTGTGACAGCTTGGCGAATTAACTCGATGATTTGAGG 269

Db 127 CAGGAATTTTGGTGTCTTTTGTGACAGGTGAAGATTAATGCTCTAGATACAGG 186

Qy 270 TGAATTTGTGATCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 329

Db 187 TGAATTTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 246

Qy 330 TAGTCAATAG 339

Db 247 TTGTCAATAG 256

Search completed: March 10, 2004, 12:07:03
Job time: 193.077 secs

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2004 CompuGen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using SW model

Run on: March 10, 2004, 10:27:40 ; Search time 839.374 Seconds
(without alignments)
11202.698 Million cell updates/sec

Title: US-10-026-767-2

Perfect score: 2571

Sequence: 1 ctcgatacttcttcttacc.....tcagatacttcttcttcc 2571

Scoring table: IDENTITY NUC

Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 2421054 seqs, 1828716029 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 4842108

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%

Listing first 45 summaries

Database : Published Applications NA.*

- 1: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US07_PUBCOMB.seq.*
- 2: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/PCT_NEW_PUB.seq.*
- 3: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US06_NEW_PUB.seq.*
- 4: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US06_PUBCOMB.seq.*
- 5: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US07_NEW_PUB.seq.*
- 6: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/PCTUS_PUBCOMB.seq.*
- 7: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US08_NEW_PUB.seq.*
- 8: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US08_PUBCOMB.seq.*
- 9: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US09_PUBCOMB.seq.*
- 10: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US09_PUBCOMB.seq.*
- 11: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US09_PUBCOMB.seq.*
- 12: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US09_PUBCOMB.seq.*
- 13: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10_PUBCOMB.seq.*
- 14: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10_PUBCOMB.seq.*
- 15: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10_PUBCOMB.seq.*
- 16: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10_NEW_PUB.seq.*
- 17: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US60_PUBCOMB.seq.*
- 18: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US60_PUBCOMB.seq.*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length DB	ID	Description
1	2571	100.0	2571	14 US-10-026-767-2	Sequence 2, Appl1
2	2154	83.8	2154	9 US-09-938-842A-1391	Sequence 1391, Ap
3	2154	83.8	2154	11 US-09-938-842A-1391	Sequence 1391, Ap
4	1669.8	64.9	2181	9 US-09-938-842A-1866	Sequence 1866, Ap
5	1669.8	64.9	2181	11 US-09-938-842A-1866	Sequence 1866, Ap
6	1170.4	45.5	2499	14 US-10-424-599-44242	Sequence 44242, A
7	1085.6	42.2	2549	14 US-10-026-767-1	Sequence 1, Appl1
8	1053.2	41.0	2708	12 US-10-424-599-44248	Sequence 44248, A
9	1049.2	40.8	2447	12 US-10-425-114-5243	Sequence 5243, Ap
10	1046	40.7	2563	12 US-10-425-114-4280	Sequence 4280, Ap
11	1046	40.7	2563	12 US-10-425-114-32617	Sequence 32617, A
12	1042.2	40.5	2612	12 US-10-425-114-3880	Sequence 3880, Ap
13	953.6	37.1	1952	12 US-10-425-114-31146	Sequence 31146, A
14	953.6	37.1	1952	12 US-10-424-599-44244	Sequence 44244, A
15	947.6	36.9	1708	12 US-10-425-114-8653	Sequence 8653, Ap

16	746	29.0	2214	15 US-10-260-238-466	Sequence 466, Ap
17	572	22.2	1601	12 US-10-425-114-8907	Sequence 8907, Ap
18	515.4	20.0	1345	12 US-10-425-114-24396	Sequence 24396, A
19	494.2	19.2	903	12 US-10-424-599-44403	Sequence 44403, A
20	494.2	19.2	1321	12 US-10-425-114-21021	Sequence 21021, A
21	461.6	18.0	1241	12 US-10-424-599-43856	Sequence 43856, A
22	442	17.2	1218	15 US-10-260-238-33117	Sequence 33117, Ap
23	383.4	14.9	876	12 US-10-424-599-44245	Sequence 44245, A
24	346.4	13.5	752	9 US-09-770-445-844	Sequence 844, Ap
25	342.6	13.3	2907	14 US-10-171-581-114	Sequence 114, Ap
26	292.4	11.4	2507	9 US-09-925-301-397	Sequence 397, Ap
27	291.6	11.3	568	15 US-10-260-238-3278	Sequence 3278, Ap
28	281.6	11.0	576	15 US-10-260-238-5797	Sequence 5797, Ap
29	231.4	8.6	1281	15 US-10-369-493-11549	Sequence 11549, A
30	220.4	8.6	843	12 US-10-424-599-11549	Sequence 93815, A
31	219.4	8.5	541	12 US-10-424-599-93815	Sequence 44637, A
32	211	8.2	1299	15 US-10-369-493-44637	Sequence 42747, A
33	203.6	7.9	1281	15 US-10-369-493-42747	Sequence 4888, Ap
34	195.8	7.6	570	15 US-10-260-238-4888	Sequence 26502, A
35	192.2	7.5	1302	15 US-10-369-493-26502	Sequence 25789, A
36	191.4	7.4	1353	15 US-10-369-493-25789	Sequence 32901, A
37	179	7.0	1251	12 US-10-282-122A-32901	Sequence 10, Appl
38	176.4	6.9	1163020	15 US-10-396-221-1058	Sequence 1058, Ap
39	176.4	6.9	3011208	15 US-10-396-221-15665	Sequence 15665, A
40	171.8	6.7	1257	12 US-10-282-122A-15665	Sequence 58022, A
41	165.4	6.4	395	12 US-10-424-599-58022	Sequence 24417, A
42	161.4	6.3	1248	12 US-10-282-122A-24417	Sequence 18176, A
43	158.4	6.2	1233	12 US-10-282-122A-18176	Sequence 537, Ap
44	156.4	6.1	7695	9 US-09-070-927A-537	Sequence 39130, A
45	152	5.9	1251	12 US-10-282-122A-39130	

ALIGNMENTS

RESULT 1
US-10-026-767-2
Sequence 2, Application US/10026767
Publication No. US20030014774A1
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Hitachi, LTD.
APPLICANT: RIKEN
APPLICANT: Japan International Research Center for Agricultural Science
APPLICANT: Bio-oriented Technology Research Advancement Institute (BRAIN)
TITLE OF INVENTION: Transgenic rice plant and its family with environmental
TITLE OF INVENTION: stress resistant by proline accumulation of high level and its
FILE REFERENCE: NT01P0353
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/026, 767
NUMBER OF SEQ ID NOS: 3
SEQ ID NO 2
LENGTH: 2571
TYPE: DNA
ORGANISM: Arabidopsis thaliana
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: 107...2260
AUTHORS: Yoshu Yoshida, Tomohiro Kiyasue, Takeshi Katsagiri, Hiroko
AUTHORS: Wada, Yoshioh Mitozuchi, Kazuko Yamaguchi-Shinozaki, Keishiro
AUTHORS: Wada, Yoshioh Mitozuchi, Kazuko Yamaguchi-Shinozaki, Keishiro
TITLE: Correlation between the induction of a gene for 1-
TITLE: pyruvate-5-carboxylate synthetase and the accumulation of
TITLE: proline in Arabidopsis thaliana under osmotic stress.
JOURNAL: The Plant Journal
VOLUME: 7
ISSUE: 5
PAGES: 751-760
DATE: 1995-01-20
DATABASE ACCESSION NUMBER: D32138
DATABASE ENTRY DATE: 1994-07-12
US-10-026-767-2

QY	1367	CAGATAGCTTCACTTGCATCCGTCAGTGGAAATGCTCTTGCCTGAAGGGTGGAAAGAG	1466
DB	1261	CAGATAGCTTCACTTGCATCCGTCAGTGGAAATGCTCTTGCCTGAAGGGTGGAAAGAG	1320
QY	1427	GCCCGGCATCAATGCTTATCTTACACAAAGTGATCACTGATGCAATTCACAGACTGT	1466
DB	1321	GCCCGGCATCAATGCTTATCTTACACAAAGTGATCACTGATGCAATTCACAGACTGT	1380
QY	1487	GGGGGTAAATCATTCGACTTGTGACTTCAAGAGAGAGATTCGATTTGCTTAAAGCTT	1546
DB	1381	GGGGGTAAATCATTCGACTTGTGACTTCAAGAGAGAGATTCGATTTGCTTAAAGCTT	1440
QY	1547	GATGACGTTATCGATCTTGATGCCAAGAGAAACAAGCTTGTAATCCAGATAAA	1606
DB	1441	GATGACGTTATCGATCTTGATGCCAAGAGAAACAAGCTTGTAATCCAGATAAA	1500
QY	1607	AATATACAAAATCCCTGTGCTAGTATGCTGATGATGCAATCTGATATATGTCGAC	1666
DB	1501	AATATACAAAATCCCTGTGCTAGTATGCTGATGATGCAATCTGATATATGTCGAC	1566
QY	1667	AAGGCTTGATACGGATATGGCAAAAGGCATGTTTGATGCAAAATTTGACATACCA	1726
DB	1561	AAGGCTTGATACGGATATGGCAAAAGGCATGTTTGATGCAAAATTTGACATACCA	1620
QY	1727	GCAGCTTAAATGCGATGGAAACCTTCTTGCTAGTAAAGATCTTAGACAGAACTGTG	1786
DB	1621	GCAGCTTAAATGCGATGGAAACCTTCTTGCTAGTAAAGATCTTAGACAGAACTGTG	1680
QY	1787	CTTATAGGCTTATTTTGTCTGTGAGAGCAATGAGTCACTTGTATAGTGGACAAAG	1846
DB	1681	CTTATAGGCTTATTTTGTCTGTGAGAGCAATGAGTCACTTGTATAGTGGACAAAG	1740
QY	1847	GCAGTAAAGATCTGAACATACAGAAACAAGTCATTCAAACAAGTACTGTGCCAAG	1906
DB	1741	GCAGTAAAGATCTGAACATACAGAAACAAGTCATTCAAACAAGTACTGTGCCAAG	1800
QY	1907	GCTTGCACTGTGAATGTGTGAAGACGTTATGCTGTATATAGATCAATTCACGCAAT	1966
DB	1801	GCTTGCACTGTGTGAATGTGTGAAGACGTTATGCTGTATATAGATCAATTCACGCAAT	1860
QY	1967	GGAGTGCACACACAGACTGCATTGTGAACAAGATCACGAATTTGCAGACTATTCCTT	2026
DB	1861	GGAGTGCACACACAGACTGCATTGTGAACAAGATCACGAATTTGCAGACTATTCCTT	1920
QY	2027	CGCCAAAGTGATAGGCGTGTGTGTTCACACAGCGCACACAAGAATTCAGATGGTTTC	2086
DB	1921	CGCCAAAGTGATAGGCGTGTGTGTTCACACAGCGCACACAAGAATTCAGATGGTTTC	1980
QY	2087	CGATTGGACTTGGTGCAGAGGTGGGGTAAAGACGGGCAAGATTCATGCTGTGTGCCA	2146
DB	1981	CGATTGGACTTGGTGCAGAGGTGGGGTAAAGACGGGCAAGATTCATGCTGTGTGCCA	2040
QY	2147	GTCGGGGTGCAGAGATTTACTTACACACAGATGGATATGAGAGAGAAAAGACAAGTTGTC	2206
DB	2041	GTCGGGGTGCAGAGATTTACTTACACACAGATGGATATGAGAGAGAAAAGACAAGTTGTC	2100
QY	2207	GACGAGACATGGAATTTGTTTACCCATCAGACATTTCCATCGAAGCTTAA	2260
DB	2101	GACGAGACATGGAATTTGTTTACCCATCAGACATTTCCATCGAAGCTTAA	2154

```

RESULT 3
US-09-938-842A-1391
; Sequence 1391, Application US/09938842A
; Publication No. US20040009476A9
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Harper, Jeff
; APPLICANT: Kreps, Joel
; APPLICANT: Wang, Xun
; APPLICANT: Zhu, Tong
; TITLE OF INVENTION: STRESS-REGULATED GENES OF PLANTS, TRANSGENIC PLANTS CONTAINING
; TITLE OF INVENTION: SAME, AND METHODS OF USE
; FILE REFERENCE: SCRIP1300-3

```

	Query Match	83.8%; Score 2154; DB 11; Length 2154;	
	Best Local Similarity	100.0%; Pred. No. 0;	
	Matches 2154; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0		
QY	107 ATGGAGAGACTGATCTTCACACGCTTTTGGCCGACACGCTCAAGATACCGCTTAG	166	
DB	1 ATGGAGAGACTGATCTTCACACGCTTTTGGCCGACACGCTCAAGATACCGCTTAG	60	
QY	167 GTTGGAGACGAGCTGTCTTACTGCAAAAGTGGAGATTGCTCTTGCTTTAGAGCA	226	
DB	61 GTTGGAGACGAGCTGTCTTACTGCAAAAGTGGAGATTGCTCTTGCTTTAGAGCA	120	
QY	227 CTGTGTGAACACTTGGCCGAAATTAACTCCGATCGATTTAGAGTAAATTGGTCACT	286	
DB	121 CTGTGTGAACACTTGGCCGAAATTAACTCCGATCGATTTAGAGTAAATTGGTCACT	180	
QY	287 GGTGCGGTGTGCTTGGCAGGCAAGGCTTGATCGACATTAAGTCAATAGCAGCTT	346	
DB	181 GGTGCGGTGTGCTTGGCAGGCAAGGCTTGATCGACATTAAGTCAATAGCAGCTT	240	
QY	347 GCGGATCTTCAGAAACCTTCAGACCTGAACCTTGAATGGGAAGCTGTGCTGTGGACA	406	
DB	241 GCGGATCTTCAGAAACCTTCAGACCTGAACCTTGAATGGGAAGCTGTGCTGTGGACA	300	
QY	407 AGCAGCTTTATGGCTTACTATGAGACTATGTTTGAACCAAGCTTATGACGAGCTCA	466	
DB	301 AGCAGCTTTATGGCTTACTATGAGACTATGTTTGAACCAAGCTTATGACGAGCTCA	360	
QY	467 CTTCGTGTAAAGACAGATGTTTAAAGACAAGATTTCAGGAAGCACTTAATGAATCT	526	
DB	361 CTTCGTGTAAAGACAGATGTTTAAAGACAAGATTTCAGGAAGCACTTAATGAATCT	420	
QY	527 GTCAAGTCTATGCTGATTTAGAGGTTATTCGAATTTCAATGAAATGATCTATTAGC	586	
DB	421 GTCAAGTCTATGCTGATTTAGAGGTTATTCGAATTTCAATGAAATGATCTATTAGC	480	
QY	587 ACCGGAAGAGCCCATATCAAGATTCCTTCGTGATTTTTCGGATPAACGATACCTAGCT	646	
DB	481 ACCGGAAGAGCCCATATCAAGATTCCTTCGTGATTTTTCGGATPAACGATACCTAGCT	540	
QY	647 GCTCTACTGAGCTTGAACCTGAAGCTGATCTTCTGATTTCTTGAACGATGTTGAAGT	706	
DB	541 GCTCTACTGAGCTTGAACCTGAAGCTGATCTTCTGATTTCTTGAACGATGTTGAAGT	600	
QY	707 CTTTACAGAGGCGCTTCAGATGATCTTAACTCAAGATTAATCCACCTTTGTTAAGAA	766	
DB	601 CTTTACAGAGGCGCTTCAGATGATCTTAACTCAAGATTAATCCACCTTTGTTAAGAA	660	
QY	767 AAACATCAAGATGAGATTACATTGGCGACAAATCAAGATTAGGAGAGGGGGTATGACT	826	
DB	661 AAACATCAAGATGAGATTACATTGGCGACAAATCAAGATTAGGAGAGGGGGTATGACT	720	
QY	827 GCAAAAGTCAAAAGCTGACGTCAATACAGCTTAATCTGGGATCTCTGCATCATAAACAGT	886	
DB	721 GCAAAAGTCAAAAGCTGACGTCAATACAGCTTAATCTGGGATCTCTGCATCATAAACAGT	780	
QY	887 GGGATTCACTGAGAACATATGATTAAGTCTTCAGAGCACTAGTGTGGAACCTTGTTT	946	

Db 781 GGGATTTCAGCTGAGAACTATGATTAAGTCTCTAGAGAGCTAGTGTGAACTTGT 840
 Qy 947 CATTAAGTGTCTGTTATATGAGCTCCGATCAAGATTTCTATGCTGTGACATGGAATT 1006
 Db 841 CATTAAGTGTCTGTTATATGAGCTCCGATCAAGATTTCTATGCTGTGACATGGAATT 900
 Qy 1007 GCTCGAGAGGAAAGTTCCAGAAAGCTTCAAGCCCTTATCTTCGAGAAAGCAAGAAATTT 1066
 Db 901 GCTCGAGAGGAAAGTTCCAGAAAGCTTCAAGCCCTTATCTTCGAGAAAGCAAGAAATTT 960
 Qy 1067 CTGCTTGAATATGCTCCGATGCTTCGAGAAAGCTTCAAGCCCTTATCTTCGAGAAAG 1126
 Db 961 CTGCTTGAATATGCTCCGATGCTTCGAGAAAGCTTCAAGCCCTTATCTTCGAGAAAG 1020
 Qy 1127 TTGATGATGCTTCTGACAAAGAGCTGAGTGTGAGAAAGCTAGTGTGAGTGTGAGTGT 1186
 Db 1021 TTGATGATGCTTCTGACAAAGAGCTGAGTGTGAGAAAGCTAGTGTGAGTGTGAGTGT 1080
 Qy 1187 ATGACACTGGAAGAAATCTGAGCTTTCGAGCTTCAAGTGTGAGTGTGAGTGTGAGTGT 1246
 Db 1081 ATGACACTGGAAGAAATCTGAGCTTTCGAGCTTCAAGTGTGAGTGTGAGTGTGAGTGT 1140
 Qy 1247 GATCCAAATGCGCGCTGTTTAAAGAAACAGAGTGTGAGTGTGAGTGTGAGTGTGAGTGT 1306
 Db 1141 GATCCAAATGCGCGCTGTTTAAAGAAACAGAGTGTGAGTGTGAGTGTGAGTGTGAGTGT 1200
 Qy 1307 ACCTCATCACCATTAGGCGTACTTCTGATGTTTGTAAATCCGAGCTGATGATGATGAT 1366
 Db 1201 ACCTCATCACCATTAGGCGTACTTCTGATGTTTGTAAATCCGAGCTGATGATGATGAT 1260
 Qy 1367 CAGATGCTTCACTTGTGATCCGATGAGTGTGAGTGTGAGTGTGAGTGTGAGTGTGAGTGT 1426
 Db 1261 CAGATGCTTCACTTGTGATCCGATGAGTGTGAGTGTGAGTGTGAGTGTGAGTGTGAGTGT 1320
 Qy 1427 GCCCGGAGTCAAAATGCTATCTTCAACAAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1486
 Db 1321 GCCCGGAGTCAAAATGCTATCTTCAACAAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1380
 Qy 1487 GGGGGTAACTCAATGAGCTTGTGATCTCAAGAAAGATGCTGATGCTTAAAGCTT 1546
 Db 1381 GGGGGTAACTCAATGAGCTTGTGATCTCAAGAAAGATGCTGATGCTTAAAGCTT 1440
 Qy 1547 GATGAGCTTATGATCTTGTGATCCGAGAGGAAAGCAAGTGTGATGATGATGATGATGAT 1606
 Db 1441 GATGAGCTTATGATCTTGTGATCCGAGAGGAAAGCAAGTGTGATGATGATGATGATGAT 1500
 Qy 1607 AATGACTACAAAATCCCTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1666
 Db 1501 AATGACTACAAAATCCCTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1560
 Qy 1667 AAGGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1726
 Db 1561 AAGGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1620
 Qy 1727 GAGAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1786
 Db 1621 GAGAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1680
 Qy 1787 CTTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1846
 Db 1681 CTTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1740
 Qy 1847 GCAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1906
 Db 1741 GCAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1800
 Qy 1907 GCTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1966
 Db 1801 GCTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1860
 Qy 1967 GGGAGTGAACACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2026
 Db 1861 GGGAGTGAACACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1920

Qy 2027 GCGCAAGTGAATGAGCTGCTGCTGTTTCCAAACAGGCAAGCAAGTCTCTAGATGTTTC 2086
 Db 1921 GCGCAAGTGAATGAGCTGCTGCTGTTTCCAAACAGGCAAGCAAGTCTCTAGATGTTTC 1980
 Qy 2087 CGATTGGAATGAGCTGAGAGGAGGAGGAGTAAAGCAAGGCAAGTCTCTAGATGTTTC 2146
 Db 1981 CGATTGGAATGAGCTGAGAGGAGGAGGAGTAAAGCAAGGCAAGTCTCTAGATGTTTC 2040
 Qy 2147 GTGCGGGTGAAGGATTACTTAAACAGAGATGATTAATGAGAGGAAAGCAAGTGTTC 2206
 Db 2041 GTGCGGGTGAAGGATTACTTAAACAGAGATGATTAATGAGAGGAAAGCAAGTGTTC 2100
 Qy 2207 GACGAGACATGAAATGTTTAAACCCATGAGAGATTCCTCAAGCTTAA 2260
 Db 2101 GACGAGACATGAAATGTTTAAACCCATGAGAGATTCCTCAAGCTTAA 2154

RESULT 4

US-09-938-842A-1866
 ; Sequence 1866, Application US/09938842A
 ; Patent No. US20020160378A1
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Harper, Jeff
 ; APPLICANT: Kreps, Joel
 ; APPLICANT: Wang, Xun
 ; APPLICANT: Zhu, Tong
 ; TITLE OF INVENTION: STRESS-REGULATED GENES OF PLANTS, TRANSGENIC PLANTS CONTAINING
 ; TITLE OF INVENTION: SAME, AND METHODS OF USE
 ; FILE REFERENCE: S00-03
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/938, 842A
 ; PRIOR FILING DATE: 2001-08-24
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/227, 866
 ; PRIOR FILING DATE: 2000-08-24
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/264, 647
 ; PRIOR FILING DATE: 2001-01-16
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/300, 111
 ; PRIOR FILING DATE: 2001-06-22
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 5379
 ; SEQ ID NO 1866
 ; LENGTH: 2181
 ; TYPE: DNA
 ; ORGANISM: Arabidopsis thaliana
 US-09-938-842A-1866

Query Match 64.3%; Score 1669.8; DB 9; Length 2181;
 Best Local Similarity 86.2%; Pred. No. 0;
 Matches 1848; Conservative 0; Mismatches 297; Indels 0; Gaps 0;

Qy 107 ATGAGAGAGCTAAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 166
 Db 1 ATGAGAGAGAGCTAAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 60
 Qy 167 GTTGGAGACAGAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 226
 Db 61 GTTGGAGACAGAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 120
 Qy 227 CTGTGTGAACAGCTTGGAGATTAACCTGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 286
 Db 121 ATCTGTGAACAGCTTGGAGATTAACCTGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 180
 Qy 287 GGTGCGGTGTGCTTGGCAAGCAAGGCTTCTATGCAATTAAGCAATTAAGCAATTAAGCAATTAAG 346
 Db 181 GGTGCGGTGTGCTTGGCAAGCAAGGCTTCTATGCAATTAAGCAATTAAGCAATTAAGCAATTAAG 240
 Qy 347 GCGGATCTTCAAGAGCTTCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 406
 Db 241 GCGGATCTTCAAGAGCTTCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 300
 Qy 407 AGCAGCTTATGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 466
 Db 301 AGCAGCTTATGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 360

QY 467 CTCTGTGTAATGACAGTAGTATTTAGAGACAGAGATTTGAGAGCAACTTAATGAACT 526
 DB 361 ATGCTGTGACCGGATGACAGATTTTGAAGATTAAGATTTGAGAGCAACTTAATGAACT 420
 QY 527 GTCAAGCTTATGCTGATTTAGAGGTTATTCATTTTCAATGAGAAATGATGCTATTAGC 586
 DB 421 GTCAAGAGGATGCTGATGAGGATGAGGATTTATCCAGATTTCAATGAGAAATGATGCTATTAGC 480
 QY 587 ACCGAGAGGAGGAGGATGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 646
 DB 481 ACTCCAGAGGAGGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 540
 QY 647 GCTCTACTGCTGCTGAGGATGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 706
 DB 541 GCTCTCTGCTGCTGAGGATGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 600
 QY 707 CTCTTCAAGAGGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 766
 DB 601 CTCTTCAAGAGGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 660
 QY 767 AAACATCAAGATGAGATTAATGATTTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 826
 DB 661 AAACATCAAGATGAGATTAATGATTTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 720
 QY 827 GCAAAAGTCAAAAGCTGAGTCAATGAGGATTTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 886
 DB 721 GCAAAAGTCAAAAGCTGAGTCAATGAGGATTTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 780
 QY 887 GGGATTAAGGATGAGATTAATGATTTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 946
 DB 781 GGGATTAAGGATGAGATTAATGATTTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 840
 QY 947 CATCAAGATGCTGATTTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1006
 DB 841 CATCAAGATGCTGATTTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 960
 QY 1007 GCTGAGAGGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1066
 DB 901 GCTGAGAGGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 960
 QY 1067 CTGCTTATGATGCTGATTTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1126
 DB 961 CTGCTTATGATGCTGATTTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1020
 QY 1127 TTAAATGATGCTGATTTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1186
 DB 1021 TTAAATGATGCTGATTTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1080
 QY 1187 ATGACATGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1246
 DB 1081 ATGACATGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1140
 QY 1247 GATCAATGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1306
 DB 1141 GATCAATGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1200
 QY 1307 ACTCATGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1366
 DB 1201 ACTCATGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1260
 QY 1367 CAGATGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1426
 DB 1261 CAGATGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1320
 QY 1427 GCGGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1486
 DB 1321 GCGGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1380
 QY 1487 GGGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1546
 DB 1381 GGGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1440
 QY 1547 GATGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1606

DB 1441 GATGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1500
 QY 1607 AATGATGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1666
 DB 1501 AATGATGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1560
 QY 1667 AAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1726
 DB 1561 AAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1620
 QY 1727 GAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1786
 DB 1621 GAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1680
 QY 1787 CTGATGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1846
 DB 1681 CTGATGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1740
 QY 1847 GCAAGTGAATGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1906
 DB 1741 GCAAGTGAATGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1800
 QY 1907 GCTGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1966
 DB 1801 GCTGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1860
 QY 1967 GGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 2026
 DB 1861 GGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1920
 QY 2027 GCGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 2086
 DB 1921 GCGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 1980
 QY 2087 GATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 2146
 DB 1981 GATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 2040
 QY 2147 GTCGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 2206
 DB 2041 GTCGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 2100
 QY 2207 GACGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 2261
 DB 2101 GACGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTTCTGATTTTCTGAGGATTAAGATGCTATTAGC 2145

RESULT 5
 US-09-938-842A-1866
 Sequence 1866, Application US/09938842A
 Publication No. US2004009476A9
 GENERAL INFORMATION:
 APPLICANT: Harper, Jeff
 APPLICANT: Kreps, Joel
 APPLICANT: Wang, Xun
 APPLICANT: Zhu, Tong
 TITLE OF INVENTION: STRESS-REGULATED GENES OF PLANTS, TRANSGENIC PLANTS CONTAINING
 FILE REFERENCE: SAME, AND METHODS OF USE
 CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/938, 842A
 PRIOR FILING DATE: 2001-08-24
 PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/227, 866
 PRIOR FILING DATE: 2000-08-24
 PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/264, 647
 PRIOR FILING DATE: 2001-01-16
 PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/300, 111
 NUMBER OF SEQ ID NOS: 5379
 SEQ ID NO 1866
 LENGTH: 2181
 TYPE: DNA
 ORGANISM: Arabidopsis thaliana

US-09-938-842A-1866

Query Match 64.9%; Score 1669.8; DB 11; Length 2181;
Best Local Similarity 86.2%; Pred. No. 0;
Matches 1846; Conservative 0; Mismatches 297; Indels 0; Gaps 0;

QY 107 ATGAGAGCTAATGATGTTACAGTGGTTTGCAGAGAGCTCAAAAGTATCGTCTAG 166
DB 1 ATACAGAGATCATGCTTCAAGCGCTTCGCAAAAGCTTAAAGCTATCGCTCAAG 60
QY 167 GTTGGAGCAGCAGTTGTTACTGGAAAAGTGGAAAGTGGCTTGGTGGTTAGAGCA 226
DB 61 GTTGGAGCTGCACTTGTACTGGAAAAGTGGAAAGTGGCTTGGAGCTTTAGAGCT 120
QY 227 CTGTGGAACAGTTGGGAAATTAACCTGGATGATTTAGAGTGAATGGTGCATCT 286
DB 121 ATCTGGAACAGTTGGGAGTTAACTCAGATGATTTGAGGTCAATTTGGTGTCT 180
QY 287 GGTGGGTTGGTCTTGGAGGCAAGGCTTCTTATCGAAATTAAGTCAATAGCAGTTT 346
DB 181 GGTGGGTTGGTCTTGGTGGCAAGGCTTCTTATCGAAATTAAGTCAATAGCAGTTT 240
QY 347 GGGGATCTTCAAGGCTCAGACTGAATTTGATGGAGAGCTTGGCTGGTGGTGA 406
DB 241 GCAGATTTACAGAAAGCACAATAAGAACTTGATGGAGAGCTTGGCTGGTGGTGA 300
QY 407 AGCAGCTTATGAGCTTACTATGAGACTATGTTGACAGCTTGATGAGCAGCTCA 466
DB 301 AGAGATCTAGCTTACTATGAGACTATGTTGACAGCTTGATGAGCAGCTTCA 360
QY 467 CTTCGTGATGACAGTATGTTTGAAGCAAGATTTGAGAGCAATTAATGAAT 526
DB 361 ATGCTTGTACAGCAGTATGAGTATTAAGATTAAGATTTGAGAGCAATTAATGAAT 420
QY 527 GTCAAGCTATGATGTTGATTTGAGAGGTTATTCATTTTCAATGAATGAATGCTTAT 586
DB 421 GTCAAGCAGATGTTGATGAGAGGTTATTCATTTTCAATGAATGAATGCTTAT 480
QY 587 ACCGAGAGAGCCCATATGAGATTTCTTGTGATTTTCTGGATTAAGATGCTTACT 646
DB 481 ACTCGAGAGAGCCCATATGAGATTTCTTGTGATTTTCTGGATTAAGATGCTTACT 540
QY 647 GCTCTTCTGGCTTGAAGCTGAAGCTGATTTCTTGTGATTTTCTGGATTAAGATGCT 706
DB 541 GCTCTTCTGGCTTGAAGCTGAAGCTGATTTCTTGTGATTTTCTGGATTAAGATGCT 600
QY 707 CTCTTACAGAGCCCTCAGATGATCTTAACTCAAGATGATCCACATTTGTTAAAGAA 766
DB 601 CTCTTACAGAGCCCTCAGATGATCTTAACTCAAGATGATCCACATTTGTTAAAGAA 660
QY 767 AAACATCAGATGATGATTAATTCCTGCGCAAAATCAAGATTTGAGAGAGGGGATGACT 826
DB 661 AAACATCAGATGATGATTAATTCCTGCGCAAAATCAAGATTTGAGAGAGGGGATGACT 720
QY 827 GCAAAAGTCAAAAGCTCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 886
DB 721 GCAAAAGTCAAAAGCTCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 780
QY 887 GGGATTAAGCTGAGAACTAGATTAAGTCTCAGAGAGCTAGATGATGATGATGAT 946
DB 781 GGGATTAAGCTGAGAACTAGATTAAGTCTCAGAGAGCTAGATGATGATGATGAT 840
QY 947 CATCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1006
DB 841 CATCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 900
QY 1007 GCTGGAGAGAAAGTTCAGAAAGCTTCAAGGCTTATCTTGGAGAGAGAGAGAGAG 1066
DB 901 GCTGGAGAGAAAGTTCAGAAAGCTTCAAGGCTTATCTTGGAGAGAGAGAGAGAG 960
QY 1067 GTGCTTGAATTTGGAG 1126
DB 961 GTGCTTGAATTTGGAG 1020

QY 1127 TTAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1186
DB 1021 TTAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1080
QY 1187 ATGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1246
DB 1081 ATGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1140
QY 1247 GATCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1306
DB 1141 GATCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1200
QY 1307 ACCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1366
DB 1201 ACCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1260
QY 1367 CAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1426
DB 1261 CAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1320
QY 1427 GCGGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1486
DB 1321 GCGGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1380
QY 1487 GGGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1546
DB 1381 GGGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1440
QY 1547 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1606
DB 1441 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1500
QY 1607 AATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1666
DB 1501 AATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1560
QY 1667 AAGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1726
DB 1561 AAGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1620
QY 1727 GCAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1786
DB 1621 GCAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1680
QY 1787 CTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1846
DB 1681 CTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1740
QY 1847 GCAAGTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1906
DB 1741 GCAAGTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1800
QY 1907 GCTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1966
DB 1801 GCTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1860
QY 1967 GGAAGTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2026
DB 1861 GGAAGTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1920
QY 2027 GCGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2086
DB 1921 GCGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1980
QY 2087 CGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2146
DB 1981 AGGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2040
QY 2147 GTGGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2206
DB 2041 GTGGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2100

Db 1059 TTGCTAGATGTTGCAAGATCTTTGGAGGCAATGAGATTTTATAAGCTTGAGAA 1118
 Qy 1127 TTGATGATGCTTTCGACAGAGGCTGGGTGGAAGTCAATGGTCTGCTTACTT 1186
 Db 1119 GCTGATGATGCTGCGGCGGAGGCTGGATATGAGAACTTTGGTGTGATGATGCT 1178
 Qy 1187 ATGACACCTGGAAGATCTGAGCCCTTGACGCTTCAATCTGATGATGGA 1246
 Db 1179 ATAAACAGAGAAAGATGACAGGCTTGCAAAATCTATTCGATACCTTGCAATGGA 1238
 Qy 1247 GATCCAAATGGCGGCTTTTAAAGAAAGAGGTCGAGATGCTGCTTGTAGAGAG 1306
 Db 1239 GACCTATTAACCAAGATCTTAAAGAGAGGTCGATGATTTAGTTCTTGAGAA 1298
 Qy 1307 ACCTCAACCAATGAGGCTTCTGATGATTTGATCCGACCTGATGACCTTSTA 1366
 Db 1299 ACATCTGCGCATTTAGGCTTCTTAAATGTTTGGAGTCCGACCTGATGCTTGT 1358
 Qy 1367 CAGATGCTTCACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1426
 Db 1359 CAGATGCTTCACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1418
 Qy 1427 GCCCGGCGATCAAAATGCTATCTTACCAAGGTCATCACTGATGCTGCTGCT 1486
 Db 1419 GCTATGATGATCAACAGATGATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1478
 Qy 1487 GGGGCTAACTCACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1546
 Db 1479 GGTGAAAACTTATGGGCTTGTTCATCACTGATGATGATGATGATGATGATGAT 1538
 Qy 1547 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1606
 Db 1539 GATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1588
 Qy 1607 AATATCAAAAATCCCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1666
 Db 1599 GGTCACTAAGATCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1658
 Qy 1667 AAGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1726
 Db 1659 AATATCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1718
 Qy 1727 GAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1786
 Db 1719 GAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1778
 Qy 1787 CTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1846
 Db 1779 CTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1838
 Qy 1847 GCAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1906
 Db 1839 GCGCAAAAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1898
 Qy 1907 GCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1966
 Db 1899 GCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1958
 Qy 1967 GGGAGTCAACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2026
 Db 1959 GGAAGTCTCATACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2018
 Qy 2027 GCGCAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2086
 Db 2019 CCGAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2078
 Qy 2087 GATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2146
 Db 2079 GATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2138
 Qy 2147 GTCGAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2206
 Db 2139 GTCGAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2198

Qy 2207 GACGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2254
 Db 2199 AATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2246

RESULT 8
 US-10-424-599-44248/C
 : Sequence 44248, Application US/10424599
 : Publication No. US20040031072A1
 : GENERAL INFORMATION:
 : APPLICANT: La Rosa Thomas J
 : APPLICANT: Kovalic David K
 : APPLICANT: Zhou Yihua
 : APPLICANT: Cao Yongwei
 : TITLE OF INVENTION: Soy Nucleic Acid Molecules and Other Molecules Associated with
 : TITLE OF INVENTION: Plants and Uses Thereof for Plant Improvement
 : FILE REFERENCE: 38-21(53223)B
 : CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/424,599
 : CURRENT FILING DATE: 2003-04-28
 : NUMBER OF SEQ ID NOS: 285684
 : SEQ ID NO 44248
 : LENGTH: 2708
 : TYPE: DNA
 : ORGANISM: Glycine max
 : FEATURE:
 : OTHER INFORMATION: Clone ID: PAT_MRT3847_139954C.1
 : US-10-424-599-44248

Query Match 41.0%; Score 1053.2; DB 12; Length 2708;
 Best Local Similarity 68.9%; Pred. No. 5.8e-308;
 Matches 1568; Conservative 0; Mismatches 558; Indels 150; Gaps 3;

Qy 107 ATGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 166
 Db 2630 ATGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2571
 Qy 167 GTTGGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 226
 Db 2570 GTTGGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2511
 Qy 227 CTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 286
 Db 2510 CTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2451
 Qy 287 GGTGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 346
 Db 2450 GGTGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2391
 Qy 347 GCGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 406
 Db 2390 GCGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2331
 Qy 407 AGCAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 466
 Db 2330 AACAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2271
 Qy 467 CTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 526
 Db 2270 CTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2211
 Qy 527 GTCAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 586
 Db 2210 ATGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2151
 Qy 587 ACCGAAAGCCCATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 646
 Db 2150 ACTAGAAAGCTTCATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2091
 Qy 647 GCTTACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 706
 Db 2090 GCTTACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2031

```

Db      968 GAGATGGCAAGCGCGAATTGTACTAGATGCAAAATATGACTATTCAGCAGGCTGCAGTCC 909
QY      1742 ATGAAACCCCTCTGTGCGATAAGATCTAGAGCAGAAATGCTGTCTTAATAGCTTATT 1801
Db      908 ATGAAATCTCTCTGTTCAGAGGACTGTGAGAGAAAGTGTGCTCAATATGATTATT 849
QY      1802 TTGCTCTGCAAGCATAGAGTCACTTTGATGTGTGACCAAGGCAAGTAAAGTACTG 1861
Db      848 ATTACCTTACGACAGAGAGGTGTATCATTTGATGTGAGGCCAAGCAAGTCTTTGTTA 789
QY      1862 AACATACCAAGACAGGTCATTCAACATAGTACTGTGCCAAGCTTGCATCTTTGAA 1921
Db      788 AATATTCCAATGGCTGTATGTATTCATCATGTAGTACAAATGCTGGCAATGCAGATTGAA 729
QY      1922 GTGTGAAAGACCTTTATGATGTGCTATATGATCATTCATCCAGCAATGGAG----- 1971
Db      728 ATTGTGATGATATTTTATATCAGATATATATCAATAAATCTTTATGAAAGCATGCCACT 669
QY      1972 -----TGCACACAGACTGCATTTGTGAACAGAGATCAAGAAATTGCA 2014
Db      668 CTTATATCTTGATTAATTTACATCTGATTCCTGTTTGACAGAAATCATAGAGTGGCC 609
QY      2015 GAGCTATTCCTTGCCCAAGTGTATAGCGTGCTGTGTTCCACAAAGCAGACAAAGTTC 2074
Db      608 AATGTGTTTCAAGCCAAATTAACAGTGTGTGTGTTTCCAAATGCTATGTAAGAATTC 549
QY      2075 TCAGATGATTTCCGATTGGATTGAACTTGATGTGCAGAGGTGGGGTTAGACGGGAGATCCAT 2134
Db      548 AGTGAATGGGGACAGATTTGACTAGATGTCAGAGGTGGAAATTAATCAAGCAGGATTCAT 489
QY      2135 GCTCGATGCTCAGTGGGGTGCAGAAATTACTTAACAACAGATGATTAAGAGAGGAAA 2194
Db      488 GCTCGGGGTCCAGTAGAGTATGATGATTTTAACAACAGATGATTTCCAAAGGAGT 429
QY      2195 GACAAGATTGTGCACGACAGCAATGAATTGTTTACCCATCAGACATTTCCAT 2250
Db      428 GGAACAATAGTGGATGTGACAAACAGTTAATCACTGACAGAGCTTTCTAT 373

RESULT 9
US-10-425-114-5243
; Sequence 5243, Application US/10425114
; Publication No. US20040034888A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Zhou, Jingsong
; APPLICANT: Zhou, Yihua
; APPLICANT: Kovalic, David K.
; APPLICANT: Screen, Steven E
; APPLICANT: Tabaska, Jack B
; APPLICANT: Cao, Yongwei
; TITLE OF INVENTION: Nucleic Acid Molecules and Other Molecules Associated With
; FILE REFERENCE: 38-21(53113)B
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/425,114
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 2003-04-28
; SEQ ID NO 5243
; LENGTH: 2447
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Zea mays
; FEATURE:
; OTHER INFORMATION: Clone ID: 700449031_F11
US-10-425-114-5243

Query Match      40.8%; Score 1049.2; DB 12; Length 2447;
Best Local Similarity 67.6%; Pred. No. 8.8e-307;
Matches 1474; Conservative 0; Mismatches 708; Indels 0; Gaps 0;

QY      91 GACGACGACGACGATTAATGAGAGAGCTAGATTCGTACAGTGTCTTTGGCCAGAGAGCTCAA 150
Db      4 GGCATATGGCCATGAGCCATGAGAGACCGCCGATTCCTGCCCGGCAATTCGTGAAGACGTCAA 63

```

151 AGGATCGCTTAAAGTTGGGACAGCAGTTGTTACTGAAAAGGTGGAGATTGGCTCT 210
Db 64 GCGAATCATTTACAAAGTGGGACAGCTGTGTCTGCTGGCAAGAAATGGCCATATGGCAT 123
Qy 211 TGGTGGTTTAAAGAGACTGTGTGAACAGCTTGGGAAATTAACCTGGATTTGAGGT 270
Db 124 GGGAGAGCTCGGTTCTCTGTGAACAGGTGAAGCAATGATTTCAAGGATATGAGT 183
Qy 271 GATTTGTGTATCTGTGTGGGTTGGTCTTGGCAGGCAAGGCTTGGTATCCAAAT 330
Db 184 GATTCGTGTACCTCAAGAGCTGTGTGTGGGAGCAAGGCTCCAAATCCGTAATCT 243
Qy 331 AGTCATAGCAGCTTGGGAGCTTCAAGAGCTTCAAGAGCTTCAAGAGCTTCAAGAG 390
Db 244 TATCCATAGCAGCTTGGCAGATCTGCAAAATCTCATGATGAATCTTGAATGAAAGCAG 303
Qy 391 TGTGTGTGTGAACAAAGAGCTTATAGCTTACTATGAGACTATGTTTGAACAGCTTGA 450
Db 304 TGTGTGTGTGTGAACAAAGCTTATGCTGATGCGATCTATGACACATATTTTACCAACTTGA 363
Qy 451 TGTGACGGGAGCTCAACTCTGTGTATGACAGTATGTTTAAAGACAAAGATTTCAAGAA 510
Db 364 TGTGACGTATCTCAACTCTGTGTATGACAGTATGTTTAAAGATTTTAAAGATTTTAA 423
Qy 511 GCAACTTAAAGAACTGTCAAGCTTATGCTTGAATTTGAGGTTATTCCAATTTTCAATGA 570
Db 424 CAGGCTCCGTGAGCTGTGTGTCTCACTGTGATCTTAAAGATGATCCCTATTTTAAATGA 483
Qy 571 GAATATGCTATTTAGCAACCCGAGAGCCCAATATGAGATTTCTGTGATTTTCTGGA 630
Db 484 GAATATGCTATTTAGCAACCCGAGAGCCCAATATGAGATTTCTGTGATTTTCTGGA 543
Qy 631 TAAAGATAGCTTGTGTCTTACTGTGCTGTGAACTGAAAGCTGATTTCTGTATTTCTCT 690
Db 544 TATGACAGCTTAGAGGCTGTGTGTGAGCAGAACTTATGCTGATTTCTTATCATGCT 603
Qy 691 GAGCGATGTGAAGCTTTTACACAGGCTTCCAGATGATCTTACTCAAGGTGATCCA 750
Db 604 TATGATGTGAAGGACTTATATGTGTCCACCAAGCATCTCTGATTAAGATTTATCCA 663
Qy 751 CACTTTTGTAAAGAAAACATCAAGATGATGATTCATTTCCGCGCAATCAAGATTAG 810
Db 664 CACTATATGCTAAAGAAAGCAGGAGGATTTAGTTTGAAGAAATCTATGTTGG 723
Qy 811 GAGAGGGGTATGATCTGCAAAAGCTCAAGCTGCAATGATGAGTTATGCTGGATTC 870
Db 724 AAGAGGTGCGATGCAAGCTTAAAGTACGTGCTGCTATGCTGATCAAAAGGCTTACC 783
Qy 871 TGTCAATCATACAGAGGCTTATTCAGCTGAGAACTATGATTAAGTCTCAGAGGACTAG 930
Db 784 TGTGTGTATGCAATGATGATTTGCAACGATGATGATCTACAGTCTCAAGGCGAAA 843
Qy 931 TGTGTGAACCTTGTTCATCAAGATGCTGTGTATATGAGCTCCGATCAAGATTTATGC 990
Db 844 GATCGGTACATTTTCCAAATGAAGCAAAATTTGGGCAATGTTCCAAAGAAAGCTACAGC 903
Qy 991 TGTGTGATGAGAGTGTGCTGCGAGGAAAGTTCCAGAAAGCTTCAAGGCTTATCTGGA 1050
Db 904 CCGAAGATGAGAGTGTGCGGCAAGAGCTGTTGAGGCGCTTCAAGAAATGTTCACTGA 963
Qy 1051 AAGACGAAAATAATTTGTGCTGATATGCTGAGTCCCTTGAAGCAATGTTACTACAT 1110
Db 964 GGAACGCAACAGATTTGTGCTGATATGCTGATCTCTGAGAAAGCAATGAGATGCAAT 1023
Qy 1111 CAAAGTGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1170
Db 1024 TATGTGTGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1083
Qy 1171 GGTGTGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1230
Db 1084 GGTGTGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1143
Qy 1231 GGTGTGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1290

Db 1144 AACTGTGATGAGAGAGCTTATTTCCATGATGATGAAAGAAAGAGGTGTGTAAGA 1203
Qy 1291 TCTTGTCTTAAAGAAAGCTTATCCATTAAGAGCTTCTGATGTTTGTGAAATCCCG 1350
Db 1204 TCTGTGTTTGAAGAAAGCAATATGCGCATTTGGGATGTTGTGCTATATTTTGAAGCTCG 1263
Qy 1351 AACTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1410
Db 1264 TCTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1323
Qy 1411 GAAGGTGAAAGAGAGGCGGCGATCAATGCTATCTTACAAAGGTGATGATGATGATGATG 1470
Db 1324 GAAGAGAGGAAAGAAAGTATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1383
Qy 1471 AATTCAGAGAGCTGTGGGGTAAACTCATTTGAGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATG 1530
Db 1384 CATTCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1443
Qy 1531 TGAATGCTTAAAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1590
Db 1444 TGAATGCTTAAAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1503
Qy 1591 TGTACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1650
Db 1504 AGTCTCCCAATCAAGCAAACTAAGATTCAGATTTAGGCTCATGCTGATGATGATGATG 1563
Qy 1651 TCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1710
Db 1564 CCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1623
Qy 1711 AAGGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1770
Db 1624 TAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1683
Qy 1771 AAGGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1830
Db 1684 TAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1743
Qy 1831 GTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1890
Db 1744 TTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1803
Qy 1891 TGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1950
Db 1804 TGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1863
Qy 1951 TCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2010
Db 1864 TCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1923
Qy 2011 TGAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2070
Db 1924 TGAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1983
Qy 2071 AATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2130
Db 1984 GTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2043
Qy 2131 CCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2190
Db 2044 AATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2103
Qy 2191 AATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2250
Db 2104 TGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2163
Qy 2251 CCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2272
Db 2164 GCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2185

RESULT 10

US-10-425-114-4280
Sequence 4280, Application US/10425114
Publication No. US20040034888A1
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Liu, Jindong
APPLICANT: Zhou, Yihua
APPLICANT: Kovalic, David K.
APPLICANT: Screen, Steven E.
APPLICANT: Tabaska, Jack E.
APPLICANT: Cao, Yongwei
TITLE OF INVENTION: Nucleic Acid Molecules and Other Molecules Associated With
FILE OF INVENTION: Plants and Uses Thereof for Plant Improvement
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/425,114
NUMBER OF SEQ ID NOS: 73128
SEQ ID NO 4280
LENGTH: 2418
TYPE: DNA
ORGANISM: Zea mays
FEATURE:
OTHER INFORMATION: Clone ID: 700352413_FLI
US-10-425-114-4280

Query Match 40.7%; Score 1046; DB 12; Length 2418;
Best Local Similarity 67.5%; Pred. No. 8.2e-306;
Matches 1472; Conservative 0; Mismatches 710; Indels 0; Gaps 0;

91 GAGGACGACGATATGAGAGAGCTAGTCTTCACTGCTTTTGGCCAGAGAGCTCA 150
65 GGGCGATGGCCATGGCCATGAGACCGCCGATCTGCGCGTGTGAGAGAGCTCA 124
151 AGCTATGCTGTTAAGTTGGGACAGAGCTTTTACTGAAAAGTGAAGATTGGCTCT 210
125 GCGAATATATATCAAGTGGGCAAGGCTGTGTCTGCTGCACTGCAATAGGCGATGGCCAT 184
211 TGGTGTGTTAGAGAGCTGTGTGAACAGCTTGGCGAATTAATCCGATGATTGAGT 270
185 GGGGAGGCTGGTCTCTCTGTGAACAGTGAAGCACTGAATTTTCAAGGGATGAGT 244
271 GATATGCTGCTATCTGCTGCTGCTGCTTGGCAGGCAAAAGGCTCGTTATGCAAT 330
245 GATTTGTATCACTCAGAGAGCTTGTGTGTGGAGGCAAGGCTCATATCCGTAACT 304
331 AGTCAATAGAGCTTTGGGATCTTCAAGAGCTTCAAGCTCAAGCTTGAAGGCTTG 390
305 TATCCATAGAGCTTGGCAGATCTGCAAAATCTCAAGATGATCTTGAAGGAGCATG 364
391 TGGTGTGTTGGAAGAGAGCTTTAGGCTTACTATGAGAGCTATGTTGAAGCTTGA 450
365 TGGTGTGTTGGAAGAGAGCTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 424
451 TGTGAGGAGAGCTCAACTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 510
425 TGTAACTGATCTCAACTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 484
511 GCAACTTAAGAAAGCTGCAAGCTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 570
485 CCAAGCTCGTGAAGCTTTTTCATCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 544
571 GAATGATGCTATAGCAAGCCGAGAGAGCCCATATCAGATTTCTTGTGTGTGTGTGT 630
545 GAATGATGCTATAGCAAGCCGAGAGAGCCCATATCAGATTTCTTGTGTGTGTGTGT 604
631 TAAAGATAGCTTGT 690
605 TAAAGATAGCTTGT 664
691 GAGGATGTTGAAGT 750
665 TAGT 724
751 CACTTTGTTAAAGAAAAATCAAGATGAGATTACTTGGGAGCAAAATCAAGATTAGG 810

725 CACTATGCTATGAAAAAGCATGGGAAGCTATATGTTTGGAGAGAGCTTACTGTGG 784
811 GAGAGGGGTATGACTGCAAAAGTCAAGCTGCAAGTCAATGCACTTATGTGGGATTC 870
785 AAGAGGTGCAATGCAAGCTTAAAGTGTCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 844
871 TGTATCATTAACAGT 930
845 TGTGTCTATGCAAGT 904
931 TGTGGAACCTTGT 990
905 GATGCTGATCACTTTTCAACAAGAGAAATTTGTGGGATGTTTCAAGAGAGCTACAGC 964
991 TGTGACATGCAAGT 1050
965 CCGAGAGTGGCAAGT 1024
1051 AGACAGAAAAAATTTCTGT 1110
1025 GGAAGCAAAAGATTTTGT 1084
1111 CAAAGCTGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1170
1085 TAGTGTGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1144
1171 GGTGCTGCTTGT 1230
1145 GGTGCTGCTTGT 1204
1231 GCTAGCTGATATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1290
1205 AACTGTGACATGAGAGAGCTTATTTCCATATCAATTAAGAAAGAGGTGTGTAAGA 1264
1291 TCTTGTCTTAAGAAAGCTTATCAAGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1350
1265 TGTGCTTGT 1324
1351 AACTGATGCACTTGT 1410
1325 TCTGTATGCAATTTGT 1384
1411 GAAAGGTGAAAGAGAGCCGCGCATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1470
1385 GAAAGAGAGAGAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1444
1471 AATTCAGAGAGCTTGT 1530
1445 TATTCGATATCTGT 1504
1531 TGAATGCTTAAGCTTGT 1590
1505 TGAATCTATGAGCTTGT 1564
1591 TGTACTGATTAATAAATACTCAAAATCCCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1650
1565 AGTTTCCAAATCAAGAGAACTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1624
1651 TCAATGATATGTGCAAGAGCTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1710
1625 CCAATGTTTAACTTGAACAATAGCCGAGCATGAGATGTGCAAAAGAGATGATGATGATGAT 1684
1711 AAAGTTGACATGCAAGAGCTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1770
1685 TAAATGATATTTCAAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1744
1771 AGAGCAGATGCTGT 1830
1745 TAAAGAGAGTGAAGAGCTTGT 1804
1831 GTATGTGTGACCAAGGGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1890

Db 1380 TCTGATGATGTCAGATGTCAGTCTAGAGATCCGAGATGTAATGTCCTCTT 1439
 QY 1411 GAAGGGTGAAGAGAGCCCGGATCAATGCTATCTACAGAGTATCATGATGC 1470
 Db 1440 GAAGGGGGAAGAGATGTAATGATCAATGCAATTAACAAGGTCATTAAGTGC 1499
 QY 1471 AATTCAGAGAGCTGTGGGGTAACTCAATGAGCTTGTGATCTCAAGAGAAATTC 1530
 Db 1500 TATTCGCAATCTTGTGGCAAAAGCTCATAGGCTTGTGATCAAGAGAAATTC 1559
 QY 1531 TGATTTGCTTAAGCTTGAATGATGCTTATGATCTTGTGATCCAGAGAAAGCAAGCT 1590
 Db 1560 TGATCTACTAGCGCTTGAATGATGTAATGATCTTGTGATCCAGAGAGTGAAGCTCT 1619
 QY 1591 TGTACTAGATTAATAAATCTAATAAATCCCTGTGCTAGTCAAGCTGATGGAATCTG 1650
 Db 1620 AGTTCCCAATCAACCAACCAATTAAGATTCAGTTTATGTCATGCTGATGATCTG 1679
 QY 1651 TCATGATATGTCAGAGAGCTTGTGATGATGATGCAAGAGCAAGCTTGTGATGC 1710
 Db 1680 CCATGTTTACATGACAAATCAGCCGATGATGATGCAAAAGGATGATGATGC 1739
 QY 1711 AAATGTCATCTACAGAGCTTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1770
 Db 1740 TAAATGATATTCACAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1799
 QY 1771 AGAGCAATATGCTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1830
 Db 1800 TAAAGAGAGAGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1859
 QY 1831 GTATGTCAGAGAGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1890
 Db 1860 TTATGTCAGAGAGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1919
 QY 1891 TGATGTCAGAGAGAGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1950
 Db 1920 TGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1979
 QY 1951 TCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2010
 Db 1980 TCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2039
 QY 2011 TGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2070
 Db 2040 TGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2099
 QY 2071 ATTCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2130
 Db 2100 GTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2159
 QY 2131 CCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2190
 Db 2160 ACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2219
 QY 2191 AAAGAGCAAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2250
 Db 2220 TAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2279
 QY 2251 CCAAGCTTAAACAAGACTTCG 2272
 Db 2280 GCAATGAGGCAATTAACCTTCG 2301

RESULT 12

US-10-425-114-3880
 ; Sequence 3880, Application US/10425114
 ; Publication No. US2004003488A1
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Liu, Jingdong
 ; APPLICANT: Zhou, Yihua
 ; APPLICANT: Kovalic, David K.
 ; APPLICANT: Screen, Steven E
 ; APPLICANT: Tadabka, Jack E

; APPLICANT: Cao, Yongwei
 ; TITLE OF INVENTION: Nucleic Acid Molecules and Other Molecules Associated with
 ; TITLE OF INVENTION: Plants and Uses Thereof for Plant Improvement
 ; FILE REFERENCE: 38-21(5313)B
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/425,114
 ; FILING DATE: 2003-04-28
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 73128
 ; SEQ ID NO 3880
 ; LENGTH: 2566
 ; TYPE: DNA
 ; ORGANISM: Zea mays
 ; FEATURE:
 ; OTHER INFORMATION: Clone ID: 700346464_F11
 US-10-425-114-3880

Query Match 40.7%; Score 1046; DB 12; Length 2566;
 Best Local Similarity 67.5%; Pred. No. 8.5e-306;
 Matches 1472; Conservative 0; Mismatches 710; Indels 0; Gaps 0;

QY 91 GACGACGACGACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 150
 Db 124 GGCATGCGCATGCGCATGCGCATGCGCATGCGCATGCGCATGCGCATGCGCATGCGCAT 183
 QY 131 AGTATGCTGCTTAAAGTGGGACAGAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 210
 Db 184 GCGATCATTAATCAAGGTGGGACAGGCTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 243
 QY 211 TGTGCTTAAAGAGACGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 270
 Db 244 GGGAGGCTCGGTTCTCTGTAAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 303
 QY 271 GATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 330
 Db 304 GATTCGTAACCTCAAGAGCTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 363
 QY 331 AGTCAATGACGCTTGGGATCTTCAAGAGCTCAAGCTCAAGCTCAAGCTCAAGCTCAAG 390
 Db 364 TATCATGACAGCTTGGGATCTTCAAGAGCTCAAGCTCAAGCTCAAGCTCAAGCTCAAG 423
 QY 391 TCTGCTGTCGACCAAGCAAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 450
 Db 424 TGTGCTGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTC 483
 QY 451 TGTGACGAGCTCAACTCTGTCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 510
 Db 484 TGTAACTCATCTCAACTCTGTCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 543
 QY 511 GCACTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 570
 Db 544 CAGCTCCGTCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 603
 QY 571 GAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 630
 Db 604 GAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 663
 QY 631 TAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 690
 Db 664 TATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 723
 QY 691 GAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 750
 Db 724 TAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 783
 QY 751 CACTTGTGTAAGAAACAATCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 810
 Db 784 CACATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 843
 QY 811 GAGAGGGGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 870
 Db 844 AAGAGGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 903
 QY 871 TGTATCATTAACAGTGGTATTCAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 930

Db 415 CCGTGGACAGAGTGGCCCTCATGCTCTATGATATGATATTACTCAACTGATGAT 474
Qy 456 CGGAGCTCAACTCTGCTGTAATGACAGTAGTTTGAAGCAAGAGATTGGAAGCAAC 515
Db 475 CTTTCCCAACTCTTGTGACAGACAGTAGTTTGAAGTCCAACTTGAGGAGAGGC 534
Qy 516 TTAAAGAACTGCAAGTCTATGCTTATTTGAGGGTTATTCGAATTTTCATAGAGATG 575
Db 535 TTCTGAAAGCTGTGAGCTATTAATCTTAAGTTGATACCAATATTTAAGAAAATG 594
Qy 576 ATGCTATTAGACACCCGAAAGAGCCCATATCAGAGTTCTTCTGATTTTCTGGAGTAG 635
Db 595 ATGCTATCAGACCAAGAGAGCTCCGATAGAGATTCATCGGGTATATTTTGGAGTAAG 654
Qy 636 ATAGCTTAGCTGCTCTATGCGCTTGGAACTGAAAGTGAATCTTCTGATCTCTGAGCG 695
Db 655 AAGTTTATAGCGCGCTTTTGGCTATAGACTTAAGAGAGATCTTCTTGTCTTACTCAGTG 714
Qy 696 ATGTTGAAGCTCTTTACACAGGCCCTTCAAGTGAATCTTAACTCAAGTTGATCAACTT 755
Db 715 ACGTGAATGGCTCTACAGGCGCTCACTAGTGAACCTCATCAAGATGATACATACAT 774
Qy 756 TTGTTAAGAAAACATCAAGTAGATTAATTCGCGGCAAAATCAAGATTGAGAGAG 815
Db 775 ACATCAAGATTAATATCATACAAATTAATTTGGGATAGTCACTGTAAGTAGAG 834
Qy 816 GGGGATAGCTGCAAAAAGTCAAGCTGCAATGCAATGCACTTAATGCTGAGATTCCTGTA 875
Db 835 GAGGATAGCAGCTAAGTAGAGCTGCTCGTGGTTCAAAAGTGGACACCTGTTG 894
Qy 876 TCAATACAGTGGGTATTCAGTGAACATAGATTAAGTCTCAAGAGACTACGTTG 935
Db 895 TTATTAACAGTAGATCTGATCTGGGAGCATTAAGTGTTCAGAGAGAGAGAGATTG 954
Qy 936 GAACCTTGTTCATCAAGATGCTGTTATGGGCTCGCATCAAGATTCATAGCTGATG 995
Db 955 GTACTCTCTTCAAAAGAGCGCGAGTTTGTGGAAACATCAATGATTTAGTCAATG 1014
Qy 996 ACATGCAAGTCTGCGCAAGGAAATTCAGAAAGCTTCAGGCTTATCTTGGAAAGCA 1055
Db 1015 AGATGGCTGTTCAGCAAGAGAGATTCAGAGGCTCGCAAGAAATTTGCTCGATGAGC 1074
Qy 1056 GGAATAAAATTTCTGATATGTCGATGCGATGCCCTTGAAGCAATGTTACTACAAATCAAG 1115
Db 1075 GCAATTAATATTTCTAGACGTGCGGATGCTTTGAGAAAATGAGAAATCTAATTAAGA 1134
Qy 1116 CTGGAATGAGTATGATGATGCTTCTGCAAGAGGCTGGGTTGGAAGTCAATGATG 1175
Db 1135 CCGAATGAAAGCGGATGATGCTGACGCAAGATGCTGATATGAGAAATTTTGTG 1194
Qy 1176 CTGCTTATGTTATGACACTGGAAGATCTCGAGCTTGAAGCTTCAATTCATGCTAG 1235
Db 1195 ATATATGACCTTAAAGCCAGAGAAAGATATACGCTCGGAAATCATTTGCACTTTG 1254
Qy 1236 CTGATATGAGAAATCAATCGCGCTGTTTAAAGAAAACAGAGTGGCAGATGCTTGG 1295
Db 1255 CAGCTATGAGAAAGCAATCAACCAATACTCAAAAGAACAGAGATTTGCGAAATTTAA 1314
Qy 1296 TCTTAAAGAAAGCTCATCACTATGAGGCTACTTCTGATTTTGTGAATCCGAGCTTG 1355
Db 1315 TTTCGGAAGAAACATCATGTCCTTGGGATGCTTATTTGATTTTTCAGAGGCTTG 1374
Qy 1356 ATGCACTTGTACAGATGCTTCACTTCCATCGATGGAATTTGCTTCTGCAAG 1415
Db 1375 ATGCTTGTGTCAGATGCTTCTTATGAGATTTGAAAGTGGCAGATGCTTCTTAAAG 1434
Qy 1416 GTGGAAGAGAGCGCGCGCATCAATGCTATCTTAAACAAAGTGAATCACTGATGCAATC 1475
Db 1435 GTGGAAGAGAGCGCGCATCAATGCTATCTTAAAGTGAATCACTGATGCAATC 1494
Qy 1476 CAGAGACTGTTGGGGAATACTATGAGCTTGTGACTTCAAGAGAGAGATTCCTGAT 1535
Db 1495 CTAGCAACGTGGTGAAGAAATTTTGGCTTGTACAGTATAGAGCAAAATTTGCTGAT 1554

Qy 1536 TGCTTAAGCTTGAAGCTTATTCATCTTGTGATCCCAAGAGAGCAACAGCTTGTTA 1595
Db 1555 TACTTAAGCTTGAAGCTTATTCATCTTGTGATCCCAAGAGAGCAACAGCTTGTTA 1614
Qy 1596 CTGAGATTAATAATCTCAAAATTCCTGCTGATAGCTCACTGATGATGATGATGATG 1655
Db 1615 CACAAATCAAGCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCA 1674
Qy 1656 TATATGTCAGCAAGCTTGTGATAGGATATGAGCAAGCGATGTTTCTATGCAAGT 1715
Db 1675 TATATGTCAGCAAGCTTGTGATAGGATATGAGCAAGCGATGTTTCTATGCAAGT 1734
Qy 1716 TGAGCTATCCAGAGCTGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1775
Db 1735 TTGATTAACCAAGAGCTGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1794
Qy 1776 AGATGCTGCTGCTTATAGCTTATTTTGTCTGCAAGAGCAATGATGATGATGATG 1835
Db 1795 AGGCTCCAGGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1854
Qy 1836 GTGACCAAGGCAAGTGAATATCTGAATATCAAGAGAGCAAGGCTCAATCAAGT 1895
Db 1855 GGGGCTGCTGTCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1914
Qy 1896 ACTGTCAGAGCTTGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1955
Db 1915 ATAGTTATAGGCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1974
Qy 1956 TTACCGCAATGAGAGTGCACACACAGCTGATTTGACAGAGATCAAGATTTGAG 2015
Db 1975 TACATTTGATAGAGAGTGCACACACAGCTGATTTGACAGAGATCAAGATTTGAG 2034
Qy 2016 AGCTATTCCTTGCAGCAAGTGAATGAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 2075
Db 2035 AAACCTTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 2094
Qy 2076 CAGATGTTTCCGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2135
Db 2095 CTGACGGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 2154
Qy 2136 CTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 2195
Db 2155 CTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 2214
Qy 2196 GACAAATGTCAGAGAGCAATGAAATTTTAAACCCATCAGAGATTTCCATCAA 2254
Db 2215 GGCAGATGCTGAACGCTGCAATGATATGCAATCAACCAATTAAGACCTTCCATGCA 2273

RESULT 14
US-10-424-599-44244
; Sequence 44244, Application US/10424599
; Publication No. US20040031072A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: La Rosa Thomas J
; APPLICANT: Kovalic David K
; APPLICANT: Zhou Yihua
; TITLE OF INVENTION: Soy Nucleic Acid Molecules and Other Molecules Associated with
; FILE OF INVENTION: Plants and Uses Thereof for Plant Improvement
; FILE REFERENCE: 38-21(53223)B
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/424,599
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 285684
; SEQ ID NO 44244
; LENGTH: 1952
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Glycine max
; FEATURE:
; OTHER INFORMATION: Clone ID: PAT_MRT3847_139950C.1
US-10-424-599-44244

Query Match 37.1%; Score 953.6; DB 12; Length 1952;
 Best Local Similarity 74.6%; Pred. No. 7.9e-278;
 Matches 1193; Conservative 0; Mismatches 409; Indels 0; Gaps 0;

QY 653 CTGGGCTTGAAGCTGATCTTCTGATCTTCTGAGCAGATGTTGAAGTCTTATAC 712
 DB 43 CCGGCTTGAAGCTGATCTTCTGATCTTCTGAGCAGATGTTGAAGTCTTATAC 102
 QY 713 ACGGCTTGAAGCTGATCTTCTGATCTTCTGAGCAGATGTTGAAGTCTTATAC 772
 DB 103 ACGGCTTGAAGCTGATCTTCTGATCTTCTGAGCAGATGTTGAAGTCTTATAC 162
 QY 773 CAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 832
 DB 163 CAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 222
 QY 833 GTCAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 892
 DB 223 GTCAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 282
 QY 893 TCAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 952
 DB 283 TCAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 342
 QY 953 GATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1012
 DB 343 GATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 402
 QY 1013 AGGGAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1072
 DB 403 AGGGAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 462
 QY 1073 GATATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1132
 DB 463 GATATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 522
 QY 1133 GTAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1192
 DB 523 GTAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 582
 QY 1193 CCTGGAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1252
 DB 583 CCTGGAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 642
 QY 1253 ATCGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1312
 DB 643 ATCGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 702
 QY 1313 TCACCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1372
 DB 703 TCACCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 762
 QY 1373 GCTTCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1432
 DB 763 GCTTCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 822
 QY 1433 CGATCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1492
 DB 823 CGATCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 882
 QY 1493 AAACCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1552
 DB 883 AAACCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 942
 QY 1553 GTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1612
 DB 943 GTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1002
 QY 1613 ACAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1672
 DB 1003 ACAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1062
 QY 1673 TGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1732

DB 1063 GCTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1122
 QY 1733 TGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1792
 DB 1123 TGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1182
 QY 1793 GAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1852
 DB 1183 GAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1242
 QY 1853 AAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1912
 DB 1243 AAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1302
 QY 1913 ACTGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1972
 DB 1303 ACTGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1362
 QY 1973 GCACACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2032
 DB 1363 GCACACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1422
 QY 2033 GTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2092
 DB 1423 GTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1482
 QY 2093 GGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2152
 DB 1483 GGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2112
 QY 2153 GTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2212
 DB 1543 GTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1602
 QY 2213 GACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2260
 DB 1603 GACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1650

RESULT 15
 US-10-425-114-8653
 ; Sequence 8653, Application US/10425114
 ; Publication No. US20040034889A1
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Liu, Jingdong
 ; APPLICANT: Zhou, Yihua
 ; APPLICANT: Kovalic, David K.
 ; APPLICANT: Screen, Steven E
 ; APPLICANT: Tabaska, Jack E
 ; APPLICANT: Cao, Yongwei
 ; TITLE OF INVENTION: Nucleic Acid Molecules and Other Molecules Associated With
 ; FILE REFERENCE: 38-21(53313)B
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/425,114
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 2003-04-28
 ; SEQ ID NO 8653
 ; LENGTH: 1708
 ; TYPE: DNA
 ; ORGANISM: Glycine max
 ; FEATURE:
 ; OTHER INFORMATION: Clone ID: 700787122_FLI
 US-10-425-114-8653

Query Match 36.9%; Score 947.6; DB 12; Length 1708;
 Best Local Similarity 74.5%; Pred. No. 4.7e-276;
 Matches 1193; Conservative 0; Mismatches 409; Indels 0; Gaps 0;

QY 659 TTGGAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 718
 DB 2 TTGGAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 61

QY 719 CCTCCAGATGATCTTAACGAAAGTTCACACTTTTGTAAAGAAAACATCAAGT 778
 DB 62 CCTCCAGATGATCACTTCAAGCTTATTCATACGATATTAAGAGAAAGCATCAAGT 121
 QY 779 GAGATTAACATTCGCGCAAAATCAAGATTAGAGAGGGGTATGACTGCAAAAGTCAMA 838
 DB 122 GAATTAATCTTTGGTGAACAATCTAGAGTGGGAAGAGGTGATGACTGCAAAAGTAAA 181
 QY 839 GCTGCAATCAATGAGCTTATGCTGGGATTCCTGTCACTAACCAGTGGGTATTCAGT 898
 DB 182 GCTGCTGTCAATGAGCTGATGCTGGCATTCCTGTGTATTAACAGAGTGTTCAGAGCT 241
 QY 899 GAGAACATAGATAAAGCTCTCAGAGACTACGTTGTGAACCTTGTTCATCAAGATGCT 958
 DB 242 GAGAAATTAATACATGTTCTTCAAGAGCAACAGCATGGAACCTCTTCAATAAGATGA 301
 QY 959 CGTTATAGGCTCCGATCAAGATTTCTAATGCTGTGACATGGCAGTTGCTGGAGGAA 1018
 DB 302 CATAGTGGGTCCAAAGTAAAGAGGTGATGCTCCTGAGATGGCAGTTGCAAGGGA 361
 QY 1019 AGTCCAGAAAGCTTCAGGCTTATCTTGGAAAGACGAGAAAATTCGCTGTGATTT 1078
 DB 362 TGTTCAGAAAGCTCCAGGCCATATCTTCTGAAGAAAGAAATTAATTTTACATAAATA 421
 QY 1079 GCGGATGCGCTTGAAGCAATGTTACTACATCAAGCTGAGATGATGATGATGCT 1138
 DB 422 GCTGATGCTCTGGAAGCAATGAAATAATATCAGACTGAATAATGAAGCTGATTTGCT 481
 QY 1139 TCTGCAACAAGGCTGGGTGGAAAGTCAATGCTGGCTGCTTACTTATGACAGCTGA 1198
 DB 482 GTGCAACAAGAGAGATATGAAAATCTTGTGTGCAAGGCTACCTTAAACCTGGG 541
 QY 1199 AAGATTCGAGCCTTGCAGCTTCAAGTTCGTAACTAGCTGATATGAAAGTCCAAATGCGC 1258
 DB 542 AAGATTCGAGCCTTGCAGCAACATGCGAATTAATGCCAACATGGAAGTCCAAATGCT 601
 QY 1259 CGTGTTTTAAAGAAAACAGAGGTGGCAGATGCTTGTCTTAAAGAAAGCTCATACCA 1318
 DB 602 CAAGTATTAATAAGAACTGAGCTATCAGATGGGCTAATTTTAAAGAAAGCATCATCTCT 661
 QY 1319 TTAGGCGTACTTGCATTTGTTTTGAAATCCGACCTGATGCACTTGTAAAGATAGCTCA 1378
 DB 662 TTGGAGATGCTCTTATTTGTTTGAATCAGCCCTGATGCTTGTGAAGATAGCTCA 721
 QY 1379 CTGGCAATCCGATGAGTAAATGCTTCTGCTGAAGGCTGAAAAGAGCCCGCGATCA 1438
 DB 722 CTGGCAATCCGATGAGTAAATGCTTCTGAAAGGTGCAAGAGCTAGGCGGCTCA 781
 QY 1439 AATGCTATCTTAACAAGAGTATCAGATGCAATTCAGAGACTGTGGGGGTAAATC 1498
 DB 782 AATGCAATTTTGAACAAGATTAATCTAGAGCCATACAGATCTGTGTGGAATACTT 841
 QY 1499 ATTGCACTTGTACTTCAAGAGAAAGATTCCTGATTTGCTTAAAGCTTGAAGCTATC 1558
 DB 842 ATAGCACTTGTGACTCTCAAGGAAAGAAATCCCTAGACTACTTAAAGCTGATGTAATC 901
 QY 1559 GATTTTGTGATCCCAAGAGAGCAACAAGCTTGTACTCAAGTAAATAATTAACAATA 1618
 DB 902 GATTTGTGATCCCAAGAGAGCAACAAGCTTGTCTCAAGATCAAGATTCACATAA 961
 QY 1619 ATCCCTGTAGTGTCAATGCTGATGAAATCTGATATATATGATGCAAGGCTTGTGAT 1678
 DB 962 ATTCCTGTTTAAAGTCAATGCTGATGAGTTGTGATATGCTATGTAAGTCTGCTAAT 1021
 QY 1679 ACGATATGCAAAAGGCGATAGTTCTTGTATGCAAAAGTTGACTATCCAGAGCTTCAAC 1081
 DB 1022 GTGAGATGCAAGGCGGATTTGACTTGTATGCAAAATTAATTAATCCAGAGCTTCAAC 1081
 QY 1739 GCGATGAAACCCCTTCTGTGCAATAAGATCTAGAGCAAGATCTGTGCTTAATGAGCTT 1798
 DB 1082 GCGATGAAACCTTCTGTGCAATAAGATCTAGAGCAAGATCTGTGCTTAATGAGATTT 1141
 QY 1799 ATTTTGTCTGAGAGCAATGAGTCACTTTGTATGTGAGCAACAGGCGCAAGTAAGATA 1858

DB 1142 GTTGTGACTTACCAACTGAAAGGCTTAAATTAATGAGAGCAACAGGCAAGTTCCTG 1201
 QY 1859 CTGAACATACCAAGACCGGCTCAATTCACCATAGTACTGTGCAAGGCTTGCACTGTT 1918
 DB 1202 TTAATATATCCACAAGCAACAACATTTTCATCATAGTACAGTTGCTGGCTTGCACTGTT 1261
 QY 1919 GAAGTGTGAGAAAGCTTTATGCTATATGATGATCACTTCAACGACATGGAGTGCACAC 1978
 DB 1262 GAATTTGTGATGACGTGTATGACAGTATTCATATTAATCTTTATGAAAGTGCACAT 1321
 QY 1979 ACAAGCTGCAATTTGACAGAGATCACAAAGTTGCAAGCTATTCCTTCGCAAGTGGAT 2038
 DB 1322 ACTGACTCCTGCTTGCAAGAGATTAAGAAAGTTGCTAATGTTGTTCTAACGCAAGTGGAC 1381
 QY 2039 AGCGTGTGCTGTCCCAACGCGAGCAAAAGATTCACATGCTTCGATTTGCACTT 2098
 DB 1382 AGTGTGCTGTTTTTCAAAATGCAAGCAACAGATTCAGTATGAGGCGCAAGATTTGACTA 1441
 QY 2099 GGTGCAAGAGTGGGAGTAAAGCAGGAGAGATTCATGCTGTGTCCAGTGGGCTGAA 2158
 DB 1442 GCGCGAGAGTGTGAAATTAATGACAGAGATTCATGCTGAGAGTCCAGTAAAGTGGAG 1501
 QY 2159 GATTAATCTTAACAAGATGATTAATGAGAGAAAGAAAGATTTGCAAGAGCAAT 2218
 DB 1502 GATTTGTTAACAAGATGATTAATGAGAGAAAGTGAACAAGTATGATGATGATTA 1561
 QY 2219 GGAATTTGTTACCCATCAGAGCAATTCCTCAAGCTTAA 2260
 DB 1562 GGAATTTGTTATCCCAAAAGCAATTCCTCAAGCTTAA 1603

Search completed: March 10, 2004, 11:58:30
 Job time : 849.374 secs

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2004 Compugen Ltd.

OW nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: March 10, 2004, 10:40:15 ; Search time 5667.85 Seconds
(without alignments)
13084.110 Million cell updates/sec

Title: US-10-026-767-2
Perfect score: 2571
Sequence: 1 ctgctactattcttcttacc.....tcaagatcactactcttcc 2571

Scoring table: IDENTITY NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 27513289 seqs, 14931090276 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 55026578

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

Database :
1: em_estba:*
2: em_esthum:*
3: em_estin:*
4: em_estmu:*
5: em_estov:*
6: em_estpl:*
7: em_estro:*
8: em_hcc:*
9: gb_est1:*
10: gb_est2:*
11: gb_hcc:*
12: gb_est3:*
13: gb_est4:*
14: gb_est5:*
15: em_estum:*
16: em_estom:*
17: em_gss_hum:*
18: em_gss_inv:*
19: em_gss_pln:*
20: em_gss_vrt:*
21: em_gss_fun:*
22: em_gss_mam:*
23: em_gss_mus:*
24: em_gss_pro:*
25: em_gss_rod:*
26: em_gss_prg:*
27: em_gss_vrt:*
28: gb_ges1:*
29: gb_ges2:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	1050.4	40.9	2627	13	BUI03703 SCJFRI07
2	753.4	29.3	887	10	BR037600 AA01P10 A
3	742.2	28.9	748	14	CB257851 CB257851
4	730.4	28.4	1961	11	AV109740 Zea mays

5	686.8	26.7	730	10	BE037665 BE037665 A
6	671.2	26.1	676	14	CB258889 CB258889 09-E01273
7	668.6	25.9	806	12	BM985808 10-F12-T
8	654	25.4	654	14	CB257853 CB257853 96-E01180
9	653.4	25.4	1685	11	AV105865 AV105865 Zea mays
10	639.2	24.9	698	10	BE037874 AA05F09 A
11	619	24.1	619	9	AV560359 AV560359
12	612	23.8	648	14	CB257169 CB257169 42-E01274
13	596.4	23.2	598	9	AV523699 AV523699
14	591.8	23.0	595	14	CB258886 CB258886 09-E01273
15	570.8	22.2	591	13	BU635444 BU635444 023B04 IM
16	551.4	21.4	835	14	CB686249 CB686249 Bn01D_04M
17	544	21.2	554	14	CB255735 CB255735 23-E01274
18	541	21.0	542	9	AV440610 AV440610
19	540.4	21.0	567	9	AV831177 AV831177
20	524	20.4	542	14	CB257848 CB257848 96-E01409
21	519	20.2	592	9	AV826224 AV826224
22	518.2	20.2	876	13	BU238245 BU238245 D801_01f0
23	512.4	19.9	649	14	CB829418 CB829418 BN40_042A
24	512	19.9	512	9	AV529336 AV529336
25	487.4	19.0	697	14	CB837716 CB837716 BN45_053F
26	484.8	18.9	529	14	CB257595 CB257595 56-E01273
27	471	18.3	495	9	AV784532 AV784532
28	470.8	18.2	570	9	AV552988 AV552988
29	467.2	18.2	774	14	CB349405 CB349405 CAB28G00
30	451.2	17.5	801	14	CB291717 CB291717 UCRCS01_0
31	449.4	17.5	451	9	AV794408 AV794408
32	443	17.2	674	9	AV823133 AV823133
33	439.4	17.1	444	9	AV795491 AV795491
34	435.2	16.9	785	14	CB292847 CB292847 UCRCS01_0
35	435	16.9	435	9	AV794702 AV794702
36	432.8	16.8	667	9	AB050546 AB050546
37	431.4	16.8	434	9	AV796385 AV796385
38	430.8	16.8	701	13	BU862253 BU862253 S013C11 P
39	426.8	16.6	451	9	AV793771 AV793771
40	426	16.6	743	14	CF208166 CF208166 CAB20002
41	424	16.5	778	14	CF393964 CF393964 RTD82_2 G
42	422.8	16.4	437	9	AV807915 AV807915
43	422.8	16.4	771	12	BI175930 BI175930 EST517013
44	418.4	16.3	833	14	CF441807 CF441807 EST678152
45	418	16.3	418	9	AV798979 AV798979

ALIGNMENTS

RESULT 1
BUI03703
LOCUS
DEFINITION
SCJFRI073H12.G Saccharum officinarum mRNA (Nogueira, F.T.S.)
ACCESSION
BUI03703
VERSION
BUI03703.1 GI:32815034
KEYWORDS
EST.
SOURCE
Saccharum officinarum
ORGANISM
Saccharum officinarum
REFERENCE
Nogueira, F.T.S., de Rosa, V.E. Jr., Menossi, N., Ulian, E.C. and Arruda, P.
1 (bases 1 to 2627)
RNA expression profiles and data mining of sugarcane response to low temperature
Plant Physiol. 132 (4), 1811-1824 (2003)
JOURNAL
MEDLINE
PUBMED
COMMENT
Bioinformatics Lab
Organization for Nucleotide Sequencing and Analysis
C.P. 6176, Campinas, SP 13083-970, Brazil
Tel: 55 19 37881101
Fax: 55 19 37881089

Email: tebaldi@unicamp.br.
Location/Qualifiers
1. .2627

```

/clone_11b="Saccharum officinarum mRNA (Nogueira, F. T. S.)"
ORIGIN

```

Query Match	Similarity	40.9%	Score 1050.4	Db 13	Length 2627
Best Local	Similarity	67.6%	Pred. No. 7.1e-260		
Matches 1474	Conservative	0	Mismatches 706	Indels	0
				Gaps	0
QY	93	CGACGACGACGATATGAGAGAGCTAGATCGTTACACGTCCTTTGTCGACAGACGTCCTAAC	152		
Db	126	CGCGCGGCGATGACCAATGGAGAACCGCCGATTCGCCGCCGATTCGTGTAAGAGACGTCAAC	185		
QY	153	GTAATCGCGATTAGAGTTGGGACAGAGATGTTACTCTGGAAAAGGTGGAAAGTTGGCTCTTG	212		
Db	186	GAATCAATTATCAGGTGGGACACAGCTGTGTGACCTGGGCGAAATGGCCGATTGGCAATGG	245		
QY	213	GTCTTTAGAGACACTGTGTGAACAGCTTGGCAATTAACTCGAATGATTTGAAGTGA	272		
Db	246	GCAGGCTCGGTTCTCTGTGTGAACAGTGAAGCACTGAATTTTCAAGGGTATGAGTGA	305		
QY	273	TATGTGTGCATCTGTGGCTGTGGTCTTTGGCAGGCAAAAGCTTCGTATCCAAATTG	332		
Db	306	TTCTGTGAACCTCAGAGAGCTGTGTGTGTGGAGGACAGAGCTTCGAATACCTGAACCTTA	365		
QY	333	TCAAATGACAGCTTTCGCGATCTTCGAAAGCCTCAGACTGAACTTGATGGGAAGGCTGTG	392		
Db	366	TACATGACAGCTTTGGAGATCTACAAATCTCGAATGAACTTTGATGGAAAGGCTGG	425		
QY	393	CTGGTGTGGACAAAGCAAGCTTTATGGCTTACTATGACCTATGATGTTTACAGCTTATG	452		
Db	426	CTGGTGTGTGCAAAAGTGTCTGAAGGCTATCTATGACATTAATTATGACCACTTGAAG	485		
QY	453	TGACGCGACCTCAACTTCGTGTGAATGACATGATTTTATGAGCAAGAGATTCAGAGAC	512		
Db	486	TAACTGATCTCACTTTGTGTAACCGATTCGTATTCAGAGATCCAAAGTTTGGGACCC	545		
QY	513	AACCTTATGAACTGTCAAATGATGCTTGAATTTGAGGTTATTCGAATTTCAATGAGA	572		
Db	546	AGCTCCGACAGACTGTTTTTTCACATTAATCTTAAAGTAATACGGTTGTCATGAGA	605		
QY	573	ATGATCTATTGACACCCGAGAGGCCCATATCAGAAATCTCGGATTTTCTGGGATA	632		
Db	606	ATGATCCCAATGATACCCGAGACCAACATATGGAATTCATCTGGTATATTTGGGATA	665		
QY	633	ACGATAGCTTAAGCTGTCTTAATGGCGTTGAAGTGAAGCTGATCTTGTATTTCTTGA	692		
Db	666	ATACACGCTTACAGCTCTGTGGAGCCGAACCTTAATGCTGATCTTATCATATCTTA	725		
QY	693	GGCATGTGAAGTCTTTTACACAGCCCTCCAAATGATCTCTAACTCAAGTTGATCCACA	752		
Db	726	GTGATGTGAGGACCTTAATGTGTCCACCAACGATCTCTGCTCAAAATTTATCCACA	785		
QY	753	CTTTTGTTAAAGAAAAACATCAAGATGAGTTACATTCGCGCAAAATCAAGATTAGGGA	812		
Db	786	CATATGTCAATGAAAAGCATGGGAGCTAATTAGTTTGGAGGAAGTCTAATGTTGGA	845		
QY	813	GAGGGGTATGACTCGAAAAGTCAAAGTGCAGTCAATGCACTTATGCTGGGATTTCTG	872		
Db	846	GAAGTGGCATGCAAGTAAAGTGTGCTGTGCTAATGCTGATCAAAAGGTGATCTG	905		
QY	873	TCATCAATCAAGTGGATTTCAGCTGGAACATAGATTAAGTCTTCAGAGACTACGTG	932		
Db	906	TTGTCTATCCGAAGTGGATTTCAGAGATGATCATTAAGTTCCTCAAGGAGAAAAGA	965		
QY	933	TTGGAACCTTTTTCATCAAGATGCTGTTATGAGGCTCCGATCAAGATTTCAATGCTC	992		
Db	966	TTGTGATCACTTTTCCAAATGAAGAAATTTGTGGGAATGTTCCAAAGGATCAAGCCC	1025		

QY	993	GTGCATGCGAGTGTGCGCAGGGGAAAGTTCCAAAAAGCTTCAGCGCTTAATCTTGGAG	1052
Db	1026	GAGAGATGCGAGTGTGCGGCAAGAACCTGTTGAGACGCTTACAGAAAGTTGTCGTCAGGG	1085
QY	1053	ACAGAAAAAAATTTCTGCTGATATATGCGAGTCCCTGGAAGCAAACTTAACTAACATCA	1112
Db	1086	AACCCAAAAAATTTGCTAGATATTTCTGATGCTCTGGAAGCAAAATGAGATCAATTA	1145
QY	1113	AAGCTGAGAAATGATTTGATGTAGCTTCTGCACAGAGGCTGGGTTGGAAAGTCAATGG	1172
Db	1146	GGTCTGAAAAAAGAACCGATGTTGAGGACAGACAAGTGCTGGTTATGAAAAGTCGTTGG	1205
QY	1173	TGCGTCGCTTGGTTATGACACCTTGGAAAGATCTGAGACCTTGCGAGCTTCACTTGTGTAAGC	1232
Db	1206	TTGCTAGAAATGACCCCTTAAGCCAGAGAAAGATACAAACCTTGCAAGATCCATTCGTGCCA	1265
QY	1233	TAGCTGATATGGAAGATCCAAATCGGCGCTGTTTAAAGAAAACAGAGGTGGCAGATGCTC	1292
Db	1266	TTGCTGACATGAGAGACCTTATTTCCATTCATTTGAAAAGAACAGAGGTGCTAAATATC	1325
QY	1293	TTGCTTAGAGAAAGACCTCATCACCATTAAGCCGACTCTGATGTTGTTTGAATCCCGAC	1352
Db	1326	TGGTTTTGAGAAAGCATATTGCCCATTTGGGTGTTCTGCTCATTTATTTTGAAGCTCTGTC	1385
QY	1353	CTGATGCACTTGTACAGATAGCTTCACTTGCCCATCGGTAGTGGAAATGCTTCTGCTGA	1412
Db	1386	CTGATGCAATTTGCTCAATTTGCACTCTCTGGCAATCCGAATGTGTAATGCTTCTTTTGA	1445
QY	1413	AGGATGAGAAAGAGAGCCCGCGATCAAAATGCTATCTTACCAAGGTGATGATCAGATGCCAA	1472
Db	1446	AAGAGGAAAAAGAGCTATGATGATCCAAACAAATATTAACAAGGTATTAATCGGGTTA	1505
QY	1473	TTCCAGAGACTGTGTGGGGTAAATCTCACTTGGACCTTGATCCAAAGAAAGATTTCTG	1532
Db	1506	TTCCAGATATTTGTTGTTAAAGTCAATAGGCCATGATGATAGCAAAAGATGAATTTCTG	1565
QY	1533	ATTGCTTAAGCTTGAATGAGGTTATTCATCTTGTGATCCCAAGAGAAACAAGCTTG	1592
Db	1566	ATTGCTGAGGCTTGAATGATGTGATTTGATCTTGTCACTCTAGGGGAGTAAGATTTAG	1625
QY	1593	TTACTCAGATTAATAAATACTACAAAATCCCTGTGTAGGTCACTGCTGATGGAATCTGTC	1652
Db	1626	TCTCCCAATCAAAAGCAACAATTAAGTTTCAAGTTCTAGGTCACTGATGATGTTCTGCC	1685
QY	1653	ATGTATATGTGCACAAGGCTTGTGTGATAGGATATGCAAAACGCAATGTTTCTGATGCCAA	1712
Db	1686	ATGTTTCACTTGAACAAATTCAGCCGACATGTGATATGCAAAAAGAAAGATGTTAGCCCTA	1745
QY	1713	AGTTGACATTCACAGACGCGCTGTAATGCGATGGAACCCCTCTTGATGCAATAGGATCTAG	1772
Db	1746	AGTTGATTTATCCAGACAGCATGATATCCAAATGGAACATCACTTGTTCATTAAGATCTTA	1805
QY	1773	AGCAGAAATGCTGTGCTTAATGAGCTTATTTTGTGCTGACAGACATGAGATCACTTGT	1832
Db	1806	ACAAGATGAGGGGCTTGATGATCTAATTAGTGAACTTGAAGAAGAAAGATGTTATTT	1865
QY	1833	ATGCTGACCAAGGGCAAGTAAGTACTGAACATACAGAGACGCGTCACTTCAACATG	1892
Db	1866	ATGATGAGGCGCTTGTGCACATGACAAATTTGAAGTACCAAGGATGAATTCATTTTCGTATG	1925
QY	1893	AGTACTGTGCCAAGGCTTGGACCTGTTGAATGTTAGAAAGCTTTATGATGCTATAGTC	1952
Db	1926	AGTATAGCTCAATGCGATGCACTTGTGAATTTGTTGATGATGTGACGTCAAGCAATGCATC	1985
QY	1953	ACATTTACCGACATGGGAGTGCACACACAGCTGCATTTGTGACAGAGGATCAAGAACTTG	2012
Db	1986	ACATTAATCGTTATGAGAAATGCACACACAGCTGCATCAACAACTGAATGAAGTGTCTG	2045
QY	2013	CAGAGCTAATCCCTCGCAAGTGGATAGCGGTGTGTTTCCACAAAGCCAGCACAGAT	2072
Db	2046	CAGAGGCTTTTCTGACGAAAGTGCATGTGTCCGTGTGTTTCACTAAGCACAGACAAAGT	2105
QY	2073	TCTTAGATGCTTTCGATTTGGAATTTGTGTCAGAGTGTGGGGTTAAGACAGGGCACGATCC	2132

Db 2106 TCCTGACGGGACGCGCTTTGGGCTAGTGCAGAGGTTGCAATTAAGTACAGGGCGCATAC 2165
 Qy 2133 ATGCTCGTGTCCAGTCGCGGGTCGAGAGATTAATCAACAGATGATATAGAGAA 2192
 Db 2166 ATGCCCCGACCGCTGTGGATGATGAGACTTCACTCTGCTCATTTTACGGGGTA 2225
 Qy 2193 AAGCACAAGTTTTCGACGAGACATGGAATGTTTACACCATCGAGACATTCCTATCG 2252
 Db 2226 GTGACAGAGTGTGAATGATGACAGAGAGTGTATTAACCCCAAGAGATTCCTTTCG 2285
 Qy 2253 AAGCTTAAAGACTTCCG 2272
 Db 2286 AATGAGCAAGAACTCTG 2305

RESULT 2
 BE037600 887 bp mRNA linear EST 07-JUN-2000
 LOCUS BE037600
 DEFINITION A01F10 AA Arabidopsis thaliana cDNA 5' similar to delta
 1-pyridoxine-5-carboxylate synthetase a, mRNA sequence.
 ACCESSION BE037600
 VERSION BE037600.1 GI:8332616
 KEYWORDS EST.
 SOURCE Arabidopsis thaliana (thale cress)
 ORGANISM Arabidopsis thaliana
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
 rosids; eurosids II; Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsis.
 1 (bases 1 to 887)
 Bohner, H.J., Borchert, C., Brazille, S., Brooks, J., Bacon, M.,
 Parra, H., Kawasaki, S., McCollough, A., Michalowski, C.B.,
 Palacio, C., Scarpa, G., Wiese, M., and Zepeda, G.R.
 Functional Genomics of Plant Stress Tolerance
 Unpublished (2000)
 Contact: Michalowski, C.B.
 University of Arizona
 Bio Sciences West room 513, Tucson, AZ 85721, USA
 Tel: 520-621-7982
 Fax: 520-621-1697
 Email: chm@u.arizona.edu
 An open reading frame exists.
 Location/Qualifiers
 1..887
 /organism="Arabidopsis thaliana"
 /mol_type="mRNA"
 /cui_type="Columbia"
 /db_xref="taxon:3702"
 /tissue_type="leaves, flowering plants"
 /dev_stage="12 weeks"
 /clone_lib="AA"
 /note="T20 h 200mM NaCl"

ORIGIN
 Query Match 29.3%; Score 753.4; DB 10; Length 887;
 Best Local Similarity 97.5%; Pred. No. 3e-183;
 Matches 796; Conservative 0; Mismatches 17; Indels 3; Gaps 3;

Qy 1126 GTTAAATGATGCTTTCGACAAAGGCTGGGTTGAAAGTCAATGGCTGCTTGT 1185
 Db 28 GTTAAATGATGCTTTCGACAAAGGCTGGGTTGAAAGTCAATGGCTGCTTGT 87
 Qy 1186 TATGACACCTGGAAGATCTCGAGCTTCAGCTTCAAGTCAAGTATGATATGA 1245
 Db 88 TATGACACCTGGAAGATCTCGAGCTTCAGCTTCAAGTCAAGTATGATATGA 147
 Qy 1246 AGATTCATTCGCGCGCTTTTAAAGAAACAAGGTGGCAATGCTTGTCTTAAAGAA 1305
 Db 148 AGATTCATTCGCGCGCTTTTAAAGAAACAAGGTGGCAATGCTTGTCTTAAAGAA 207
 Qy 1306 GACCTCATCACTTACGGGCTACTCTGATGTTTGAATCCGACCGATGACCTTGT 1365
 Db 208 GACCTCATCACTTACGGGCTACTCTGATGTTTGAATCCGACCGATGACCTTGT 267

Qy 1366 ACAGATACCTTCACTTGGCATCCGTAAGTGAATGCTTTCTGCTGAAGGCTGAAGAA 1425
 Db 268 ACAGATACCTTCACTTGGCATCCGTAAGTGAATGCTTTCTGCTGAAGGCTGAAGAA 327
 Qy 1426 GCGCCCGGATCAATGCTATCTTACACAAAGGTGATCACTGATCAATTCAGAGACTGT 1485
 Db 328 GCGCCCGGATCAATGCTATCTTACACAAAGGTGATCACTGATCAATTCAGAGACTGT 387
 Qy 1486 TGGGGGTAACTCAATGACCTTGTGACTTCAAGAAAGAGATTCGATTTGCTTAAAGT 1545
 Db 388 TGGGGGTAACTCAATGACCTTGTGACTTCAAGAAAGAGATTCGATTTGCTTAAAGT 447
 Qy 1546 TGATGAGTATTCATCTTGTGATCCCAAGAGAGAAAGAGTCTTCTGCTGATGATTA 1605
 Db 448 TGATGAGTATTCATCTTGTGATCCCAAGAGAGAAAGAGTCTTCTGCTGATGATTA 507
 Qy 1606 AAATTAACAAGAAATCCCTGTGCTAGGTCAATGCTGATGAAATCTGATATATGTCGA 1665
 Db 508 AAATTAACAAGAAATCCCTGTGCTAGGTCAATGCTGATGAAATCTGATATATGTCGA 567
 Qy 1666 CAAGGCTTGTATAGGATTAAGGAAAGGCAAGCGCATGCTTGTGATGAAAGTGAATGCC 1725
 Db 568 CAAGGCTTGTATAGGATTAAGGAAAGGCAAGCGCATGCTTGTGATGAAAGTGAATGCC 627
 Qy 1726 AGCAGCTGTATGATGATGAAAGGCAAGCGCATGCTTGTGATGAAAGTGAATGCC 1785
 Db 628 AGCAGCTGTATGATGATGAAAGGCAAGCGCATGCTTGTGATGAAAGTGAATGCC 687
 Qy 1786 GCTTAATGAGTTATTTTGTCTGTCGAGAGCATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1845
 Db 688 GCTTAATGAGTTATTTTGTCTGTCGAGAGCATGATGATGATGATGATGATGATGATG 746
 Qy 1846 GGCAAGTAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1905
 Db 747 GGCAAGTAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 805
 Qy 1906 GCGTTGACCTGTTGAGTTGTAAGAGCGTTTATGG 1941
 Db 806 GCGTTGACCTGTTGAGTTGTAAGAGCGTTTATGG 840

RESULT 3
 CE257851 748 bp mRNA linear EST 06-NOV-2003
 LOCUS CE257851
 DEFINITION 96-B011798-014-004-T7R MP12-ADIS-014 Arabidopsis thaliana cDNA
 clone MP12p7710244Q 5-PRIME, mRNA sequence.
 ACCESSION CE257851
 VERSION CE257851.1 GI:32882624
 KEYWORDS EST.
 SOURCE Arabidopsis thaliana (thale cress)
 ORGANISM Arabidopsis thaliana
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
 rosids; eurosids II; Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsis.
 1 (bases 1 to 748)
 Schmidt, K.J., Seerensen, T.R., Stracke, R., Torjek, O., Altmann, T.,
 Mitchell-Olds, T., and Weisshaar, B.
 Large-scale identification and analysis of genome-wide
 single-nucleotide polymorphisms for mapping in Arabidopsis thaliana
 Genome Res. 13 (6), 1250-1257 (2003)
 22683290
 MEDLINE 12799357
 PUBMED
 COMMENT Contact: Weisshaar B
 ADIS DNA core facility at MP12
 Max-Planck-Institute for Plant Breeding Research
 Carl-von-Linne Weg 10, 50829 Koeln, Germany
 Fax: 00492215062851
 Email: weisshaar@mp12-koeln.mpg.de
 Insert Length: 748 Std Error: 0.00
 Plate: 4 row: O column: 24
 Seq primer: T7R, CTATACGACTCACTATAGGGA.
 Location/Qualifiers

FEATURES

QY 715 AGGCGCCCAAGNATCTTAACCTAAGTGTATGACACCTTTTGTAAAGAAAACATCA 774
 DB 62 CGGTCCACCAAGGATCCGGGATCAAGATCATTCATCTACATCAAGATTAACATTA 121
 QY 775 AGATGATATACATTCGCGCAACAATCAAGATTAGGAGAGGGGATGATGCAAAAGT 834
 DB 122 CAGTGGAAATACCTTTGGGGATTAAGTCAAGTATAGTACGAGGAAATACACGCTAAAGT 181
 QY 835 CAAAGCTGCACTCAATGACGCTTATGCTGGGATTCCTGTCATCATTAACAGTGGGATTC 894
 DB 182 GAAGGCGCTTTTGTGGCTTCGAACAGTGCACACCTGTTATTAACAAGTGAATTGGC 241
 QY 895 AGCTGAACAATAGATTAAGTCTCTCAGAGGACTACGCTGTGAAACCTTTTCATCAAGA 954
 DB 242 ATCTCAGAGATTTGTAGATTTCTCCAGAGAGAAAGATTGATCTCTCTCCATAGAGA 301
 QY 955 TGCTCGTTATGAGCTCCGATCAAGATTTAAATGCTGTGACATGACAGTTCGCGAG 1014
 DB 302 TGCAAGCTGTGGGAGCATCCAAAGATTTAGTGTCTGAGATGGCTGTGCTGCAAG 361
 QY 1015 GGAAGTTCCAGAAAGCTTACAGGCTTATCTTGGGAGACAGGAAAATTCCTGCTTGA 1074
 DB 362 AGAATGTTCAAGGCGTCTGCAATTTATCATGGAATGAACGACAGAAAATTTGTTAGA 421
 QY 1075 TATTCGCGATGCCCTTGAAGCAATGTTACTACATCAAGCTGAGATGAGTTAGATGT 1134
 DB 422 CATTCAGATGCTTTGGAAACAAATGAGATCTAATTAAGACTNNNNNNNNNNNNNNNN 481
 QY 1135 AGCTTCGCAACAAAGAGCTGGGTTGGAAGTCAATGTGGCTGCTTATGATGACACC 1194
 DB 482 NNN 541
 QY 1195 TGGAAAGATCTGAGGCTTGCAGCTTCAGTTCGTAAGTACTGATATGAAAGATCCAT 1254
 DB 542 AGAAAGATAGCAAGCTTGCAGAAATCATACCACTTGGCAAAATATGAGAAACCAAT 601
 QY 1255 CGGCGCTGTTTAAAGAAAACAGAGTGGGAGATGCTCTTGTGTGAGAGAACCTCATC 1314
 DB 602 CAACCAAGATCTCAAAAGAAACAGAGTGTGCTGAAGCTTGAAGCTGNNNNNNNNNN 661
 QY 1315 ACCATTAAGGCTACTTCTGATTTGTTTGAATCCGACCTGATGCACTTGTACAGATAGC 1374
 DB 662 CCCCTGGGTGTGTGTGATTTGNNNNNNAGTCCAGGCTGATGCTTATGCAAGTTGC 721
 QY 1375 TTCACTTGCATCCGTAAGTGAATGCTTCTGCTGAAGGCTGGAAGAGGCGCGCG 1434
 DB 722 GCTTTAGCAGTTGGAAGTGGCAATGCTCTCTGTAAGGCTGGAAGAGGCTGAG 781
 QY 1435 ATCAAAATGCTATCTTACAAAGGATCACTGATGCAATTCGAGAGACTGTTGGGGGTAA 1494
 DB 782 ATCGAACAAGATTAATTAAGTTAATGCTGGGCAATTCGAGCAAGCTGGGCTNNNN 841
 QY 1495 ACTCATTTGACTTGTGATTCAGAGAGAGATTCCTGATTTGCTTAAGCTTGATGACGT 1554
 DB 842 NCTTATTGGCTGTGTAAGTAGAGATGAATCGCTGATTTACTTAAGCTTGATGATGT 901
 QY 1555 TATGATCTTGTATCCCAAGAGAGCAACAGCTTGTACTCAATATAAAATCTAC 1614
 DB 902 CATGATCTTGTATTCAGAGAGCAACATTAAGCTGTTGCAAAATCAACATCAAC 961
 QY 1615 AAAAATCCCTGTAGATGATGCTGATGATGCTGATGATGCTGATGATGCTGATGATG 1674
 DB 962 TAAATATCTGTCTCGTCAATGCGATGATTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATG 1021
 QY 1675 TGAATGAGATGAGCAAGGCAATGATTTGTGATGCAAAATTTGATGATGATGATGATG 1734
 DB 1022 TGAATGAGATGAGCAAGGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1081
 QY 1735 TAAATGAGATGAGCAAGGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1794
 DB 1082 CAATGCTATGAGCAATGCTGCTGCTTCAATTAAGACTTAAAGCTCCAGGCTTGTATGA 1141
 QY 1795 GCTTATTTTGTGCTGAGAGCAATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1854

DB 1142 TATATCTCTACTACTCAAAAACAGAGAGTGTGCTATTTATGAGGCGCTGTGCAATGA 1201
 QY 1855 GATACGAAACATACAGAGAGCAGGCTCATTCACCATGATGATGTCGCAAGCTTGAC 1914
 DB 1202 AGTACTGTGATTCGAAAGCAGATTCATTCATCAAGATTAATGCTCTATGGCTGCAC 1261
 QY 1915 TGTGAAATGTTAAGAACGTTTATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1974
 DB 1262 AATGAGTTCGTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1321
 QY 1975 ACACAGACTGCAATTTGACAGAGATCAAGAGTTGACAGAGTATTCCTTGCCCAAGT 2034
 DB 1322 ACATACAGATTTGATTTACACAGATGATTAAGTGAAGAACTTTCTGCGGCAAGT 1381
 QY 2035 GATAGGCTGCTGTGTGTTCCACAAACGACAGCAAGATTTCTGATGATGATGATGATG 2094
 DB 1382 TGATAGTGTGCTGTGATTTATTAATGAGATGACAGATTTCTGATGAGGCTGTTTGG 1441
 QY 2095 ACTGATGACAGAGTGGGAGGTAAGCAGGAGGATCATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 2154
 DB 1442 ATGAGGTCAGAGTGTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1501
 QY 2155 CGAAGATTTACTTAACAGAGATGATTAATGAGAGGAAAGACATGTTGTCAGAGAGA 2214
 DB 1502 TGAAGTCTCTTAACAAACAGCTGATCATGCGAGAGAGGCGCAAGTGTGATGATG 1561
 QY 2215 CAATGAAATGTTTACACCCATCAGACATTCCTCCATCA 2254
 DB 1562 CAAGATGTTGATACACCCATTAAGAACTTCTCTTCA 1601

RESULT 5
 BE037665 730 bp mRNA linear EST 07-JUN-2000
 LOCUS
 DEFINITION A02E05.AA Arabidopsis thaliana cDNA 5' similar to delta
 1-pyruvate-5-carboxylate synthetase a, mRNA sequence.
 ACCESSION
 BE037665
 VERSION
 BE037665.1 GI:8332681
 KEYWORDS
 EST.
 SOURCE
 Arabidopsis thaliana (chale crese)
 ORGANISM
 Arabidopsis thaliana

REFERENCE
 Bohnert, H.J., Borchert, C., Brazillie, S., Brooks, J., Eaton, M.,
 Ferreira, H., Kawasaki, S., McColough, A., Michalowski, C.B.,
 Palacio, C., Scara, G., Wheeler, M. and Zepeda, G.R.
 Functional Genomics of Plant Stress Tolerance
 Unpublished (2000)
 COMMENT
 Contact: Michalowski, C.B.
 University of Arizona
 Bio Sciences West room 513, Tucson, AZ 85721, USA
 Tel: 520-621-7982
 Fax: 520-621-1697
 Email: chm@u.arizona.edu
 An open reading frame exists.
 Insert Length: 1 Std Error: 0.00.
 Location/Qualifiers

FEATURES
 source

1. 730
 /organism="Arabidopsis thaliana"
 /mol_type="mRNA"
 /culivar="Columbia"
 /db_xref="taxon:3702"
 /tissue_type="leaves, flowering plants"
 /dev_stage="12 weeks"
 /clone_id="AA"
 /note="20 h 200mM NaCl"

ORIGIN

Query Match 26.7% Score 686.8; DB 10; Length 730;
 Best Local Similarity 98.8%; Pred. No. 4.6e-166;

	Matches	713	Conservative	0	Mismatches	7	Indels	2	Gaps	2
QY	998	ATGCGAGTTCCTCGCGAGGGAAAAAGTTCCAGAAAGCTTCAGGCTTATCTTCGGAGACAGG								1057
Db	6	AGGGCAGATGGTCGCGAGGGAAAAAGTTCCAGAAAGCTTCAGGCTTATCTTCGGAGACAGG								65
QY	1058	AAAAAAATTCCTGCTGATATATGCGCATGCCCTTGAAAGCAAAATGTTACTACAAATCAAGCT								1117
Db	66	AAAAAAATTCCTGCTGATATATGCGCATGCCCTTGAAAGCAAAATGTTACTACAAATCAAGCT								125
QY	1118	GAGAAATGATTTAGATGTAGCTTCTTGACACAAGAGCGCTGGGTTGGAAGATCAATGCTGCT								1177
Db	126	GAGAAATGATTTAGATGTAGCTTCTTGACACAAGAGCGCTGGGTTGGAAGATCAATGCTGCT								185
QY	1178	CGCTTAGTTATGACACCCGTGAAAGATCTTCGAGCCCTTGAGAGCTTCAGTTCGTAAAGTACCT								1237
Db	186	CGCTTAGTTATGACACCCGTGAAAGATCTTCGAGCCCTTGAGAGCTTCAGTTCGTAAAGTACCT								245
QY	1238	GATATGGAAGATCCAAATCGGCGCGTGTTTTAAAGAAAAAGAGAGTGGCAGATGATCTTGTGC								1297
Db	246	GATATGGAAGATCCAAATCGGCGCGTGTTTTAAAGAAAAAGAGAGTGGCAGATGATCTTGTGC								305
QY	1288	TTAAGAAAGACCTCACTCAACCAATTAGGCGTACTTCTGATTTGTTTTGAAATCCCGACCTGAT								1357
Db	306	TTAAGAAAGACCTCACTCAACCAATTAGGCGTACTTCTGATTTGTTTTGAAATCCCGACCTGAT								365
QY	1358	GCACTTGACAGATGCTGCTTCACTTCCATCCGATGGAAGAAATGGCTCTGCTGAAAGGCT								1417
Db	366	GCACTTGACAGATGCTGCTTCACTTCCATCCGATGGAAGAAATGGCTCTGCTGAAAGGCT								425
QY	1418	GGAAGAGAGGCCCCGCGCATCAAAATGCTATCTTACACAAGGTGATCACTGATGCAATTCCA								1477
Db	426	GGAAGAGAGGCCCCGCGCATCAAAATGCTATCTTACACAAGGTGATCACTGATGCAATTCCA								485
QY	1478	GAGACTGTGGGGGGTAAATCTAATTGGAATGTGCACTTGCAAGAGAAAGATTCGTATTTG								1537
Db	486	GAGACTGTGGGGGGTAAATCTAATTGGAATGTGCACTTGCAAGAGAAAGATTCGTATTTG								545
QY	1538	CTTAAGCTTGATGACGTTATCGATCTTGTGATATCCCAAGAGAAAGCAACGCTTGTACT								1597
Db	546	CTTAAGCTTGATGACGTTATCGATCTTGTGATATCCCAAGAGAAAGCAACGCTTGTACT								605
QY	1598	CAGATTAATAAATATCTACAAAAA-TCCCTGTGCTAGTACT-GCTGATGGAATCTGTATG								1655
Db	606	CAGATTAATAAATATCTACAAAAA-TCCCTGTGCTAGTACTGATGATGGAATCTGTATG								665
QY	1656	TATATGTGCAACAAGCTTGATGATACGATATGCAACGCAATGTTCTGATGCAAGT								1715
Db	666	TATATGTGCAACAAGCTTGATGATACGATATGCAACGCAATGTTCTGATGCAAGT								725
QY	1716	TG 1717								
Db	726	GG 727								

RESULT 6

LOCUS CB258889

DEFINITION 09-E012734-014-002-B03-T7R MP12-ADIS-014 Arabidopsis thaliana cDNA clone MP12P71B032Q 5-PRIME, mRNA sequence.

ACCESSION CB258889

VERSION CB258889.1 GI:32883662

KEYWORDS EST.

SOURCE Arabidopsis thaliana (chale creese)

ORGANISM Arabidopsis thaliana

REFERENCE 1 (bases 1 to 676)

AUTHORS Schmid,K.J., Soerensen,T.R., Stracke,R., Torjek,O., Altmann,T., Mitchell-Olds,T. and Weisshaar,B.

TITLE Large-scale identification and analysis of genome-wide single-nucleotide polymorphisms for mapping in Arabidopsis thaliana

linear EST 06-NOV-2003

Arabidopsis thaliana

Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots; rosids; eurosids II; Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsis.

JOINTAL	Genome Res. 13 (6), 1250-1257 (2003)
MEDLINE	22683290
PUBMED	1279357
COMMENT	<p>Contact: Weishaar B</p> <p>AIS DNA core facility at MPIZ</p> <p>Max-Planck-Institute for Plant Breeding Research</p> <p>Carl-von-Linne Weg 10, 50829 Koeln, Germany</p> <p>Fax: 00492215062851</p> <p>Email: weishaar@mpiz-koeln.mpg.de</p> <p>Insert Length: 676</p> <p>Seq primer: T7R; CYMATACGACTCATATAGGA.</p> <p>Location/Qualifiers</p>
FEATURES	<p>1..676</p> <p>organism="Arabidopsis thaliana"</p> <p>mol_type="RNA"</p> <p>cultivar="Cape Verde Island (Cvi)"</p> <p>db_xref="GABI:590722"</p> <p>db_xref="taxon:3702"</p> <p>clone="MP12P71B032Q"</p> <p>tissue_type="whole plant"</p> <p>dev_stage="adult plant, mixed stresses"</p> <p>lab_host="E. coli TOP10"</p> <p>clone_id="MP12-AD15-014"</p> <p>/note="Vector: pSPORTR1; Site 1: SalI; Site 2: NotI; cDNA library from Arabidopsis thaliana, accession Cvi; six weeks old total plants grown under long-day conditions in soil, whole adult plants were treated for 24 hours with different stresses (1) at 4 Grad C in the dark, (2), at 37 Grad C in the dark, (3) lying in the lab after removing from soil, (4) in the greenhouse after wounding leaves with a forceps, (5) in the lab watering with a 150 mM NaCl solution, (6) at 26 Grad C in the light/UV; equal quantities of stressed plant material were pooled; library was made at the Max-Planck-Institute for Plant Breeding Research, Cologne, Germany; cloning sites SalI-NotI, primer sites and orientation: T7-SalI-CCAGCGTCG-5prime-cDNA-polyA-CC-NotI-SP6. Note: Sequencing granted in the context of the GABI Arabidopsis Verbund I: Genetic Diversity, 'Establishment of high-efficiency SNP-based mapping tools and development of methods for genome-wide mutation detection', PI: Bernd Weishaar Sequence submission managed by RZPD/GABI-Primary database: http://gabi.rzpd.de. This clone is available from RZPD; contact RZPD (clone@rzpd.de) for further information."</p>
SOURCE	

Db	301	TGGCAGGCAAGAGGCTTCGTTATCGACAAATAGTCAATAGCAGCTTTGGGAACTTCAAGA	360
QY	361	GCCTCAGACTGAACCTTGATGGGAAGGCTTGGCTGCTGTTGGACAAAGCAGCTTATGGC	420
Db	361	GCCTCAGACTGAACCTTGATGGGAAGGCTTGGCTGCTGTTGGACAAAGCAGCTTATGGC	420
QY	421	TTACTATGAGACTATGTTTGAACCACTTGATGTGACGCGACGCTCAACTTCGTGGTAATGA	480
Db	421	TTACTATGAGACTATGTTTGAACCACTTGATGTGACGCGACGCTCAACTTCGTGGTAATGA	480
QY	481	CAGTAGCTTTTACAGACAAAGATTTACAGAAAGCACTTAATGAACTGCAAGCTTATGCT	540
Db	481	CAGTAGCTTTTACAGACAAAGATTTACAGAAAGCACTTAATGAACTGCAAGCTTATGCT	540
QY	541	TGATTGAGGGGTTATTCGAAATTTTCAATGAGAAATGATGCTATTACACCGAAGAGCCCC	600
Db	541	TGATTGAGGGGTTATTCGAAATTTTCAATGAGAAATGATGCTATTACACCGAAGAGCCCC	600
QY	601	ATATCAGAGATTCCTTCGTGATTTTCGTGGATATACAGATAGCTTAGCTGCTTACGCGCTT	660
Db	601	ATATCAGAGATTCCTTCGTGATTTTCGTGGATATACAGATAGCTTAGCTGCTTACGCGCTT	660
QY	661	GGAATCGAAAGCTGAT 676	
Db	661	GGAATCGAAAGCTGAT 676	
RESULT 7			
LOCUS	BM985508		
DEFINITION	BM985508	806 bp	mRNA linear EST 22-MAR-2002
ACCESSION	BM985508		
VERSION	10	F12.T	A.thellungiella halophila cDNA clone 10_F12.T similar to
KEYWORDS	X86777	-A.thaliana mRNA for pyrroline-5-carboxylate synthetase A,	
SOURCE	BM985508		mRNA sequence.
ORGANISM	BM985508.1	GI:19684146	EST.
	EST.		
	Theilungiella halophila		
	Theilungiella halophila		
	Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;		
	Rosidiales; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;		
	Feridae; eurosids II; Brassicales; Brassicaceae; Theilungiella.		
	1 (bases 1 to 806)		
REFERENCE	Gong,Z., Zhu,J., Zhang,C., Kim,C.S., Zhang,Q., Bressan,R.,		
AUTHORS	Hasegawa,M., Zhu,J.K. and Fredrickson,M.A.		
TITLE	Transcript profile from Theilungiella halophila, a salt-tolerant		
JOURNAL	relative of Arabidopsis thaliana		
COMMENT	Unpublished (2000)		
	Contact: Mark Fredrickson		
	Department of Plant Biology		
	University of Illinois		
	1201 W. Gregory Dr., Urbana, IL 61801, USA		
	Tel.: 2172655473		
	Email: bohnertlab@life.uiuc.edu.		
FEATURES			
source			
	1..806		Location/Qualifiers
	/organism="Theilungiella halophila"		
	/mol_type="mRNA"		
	/db_xref="taxon:98038"		
	/clone="10_F12.T"		
	/clone_11b="Ath"		
	/note="Vector: pBK-CMV phagemid"		
ORIGIN			
Query Match	25.9%	Score 666.6	DB 12, Length 806,
Best Local Similarity	93.1%	Pred. No. 7,7e-161;	
Matches 720, Conservative	0;	Mismatches 49;	Indels 4; Gaps 2;
QY	1331	CTGATGTTGTTTGAATCCCGACCTGATGACATGTCAGATAGCTTCACTTGCATCGCT	1390
Db	35	CTGATGTTTGTGATCCCGACCTGATGACATGTCAGATAGCTTCACTTGCATCGG	94
QY	1391	AGTGGAAATGCTCTTCTGCTGAAGGAGTGAAGAGAGCCGCGCATCAATGCTATCTTA	1450

Db	95	AGTGGAAATGCTCTTATCTATTTGAAGGTGGAAAGAGAGCCCGGCGATCTAAATGCTATCTTA	154
QY	1451	CACAAAGTGATCACTGATGCATTCACAGACCTGTTGGGGTAAACTCATTTGACCTTGTG	1510
Db	155	CATAGAGTGATCACTGATGCATTCACAGACCTGTCGGGGGTAAACTCATTTGACCTTGTG	214
QY	1511	ACTTCAAGAGAAAGATTCCTGATTTGGCTTAAAGCTGTGATGACGTATGACCTTGTGATC	1570
Db	215	ACTTCAGAGAGAGATTCCTGATTTGGCTTAAAGCTGTGATGACGTATGACCTTGTGATC	274
QY	1571	CCAAAGGAGACCAACAAGCTTGTTACTCAGATAAAAAAATACTACAAAAATCCCTGECTA	1630
Db	275	CCAAAGGAGACCAACAAGCTTGTTCACAGATAAAAAAATACTACAAAAATCCCTGECTA	334
QY	1631	GGTCATGCTGATGGAATTCGTCACTGATATATGTCCACAAAGCTTGTGATACCGATATGCA	1690
Db	335	GGCCATGCTGATGGAATTCGTCACTGATATATGTCCACAAAGCTATGATATCTGGAATATGCA	394
QY	1691	AAGCGCATAGTTCCTGATGCAAAAGTTGGACTATCCAGACGCTGTAAATGCGANTGAAAC	1750
Db	395	AAGCGCATATTTCCGATGCAAAAGTTGGATTTATCCAGAGCTGTAAATGCGANTGAAAC	454
QY	1751	CTTCTTGTGCTAATGATCTTAGACAGATGCTGTGCTTAAATGACCTTATTTTGTCTGTG	1810
Db	455	CTTCTTGTGCTAATGATCTTAGACAGAG---CCGGCTCAATGACCTTATTTTGTGTGCTG	511
QY	1811	CAGAGCATAGAGACCTTGTGTATGCTGAGACCAAGGGCAAGTAAGATCTGATACATACCA	1870
Db	512	CAGAGCATAGAGACCTGATATATGCTGAGACCAAGGACATGCTGATACATACATACCA	571
QY	1871	GAAGCAGCGTCATTCACCATGATCTGTGACCAAGGCTTGCACTGTTGAAGTTGAGAA	1930
Db	572	GAACACGCTGCTTCAACTATGATGATCTGTTCCAAAGCTTGCACTGTTGAAGTTGAGAA	631
QY	1931	GACCTTATAGTGTGCTATATGATCAATTCACCGAATATGGAGTGCACACAGATCGACT	1990
Db	632	GACCTTATAGTGTGCTATATGATCAATTCACCGAATATGGAGTGCACACAGATCGACT	691
QY	1991	GTGACAGAGGATCAACGAAGTTGCAGAGCTATTCCTTGCGCCAAATGATATAGCGCTGTGTG	2050
Db	692	GTGACAGAGGATCAACGAAGTGCAGAGCTATTCCTTGCGCCAAATGATATAGCGCTGTGTG	751
QY	2051	TTCCACAAACGCCAGACCAAGATTTCCAGATGCTTCCGATTTGACATTTGCTGTC	2103
Db	752	TTCCAC-ACCGAACACCAAGATTTCCAGATGCGGCTCGATTTGACATTTGCTGTC	803

RESULT 8

LOCUS CB257853

DEFINITION 96-E011802-014-004-024-TTR M01Z-ADIS-014 Arabidopsis thaliana cDNA clone M01Zp710244Q 5-PRIME, mRNA sequence.

ACCESSION CB257853

VERSION CB257853.1

KEYWORDS GI:32882626

SOURCE 'Arabidopsis thaliana (thale cress)

ORGANISM Arabidopsis thaliana

REFERENCE 1. Schmidt, K.J., Soerensen, T.R., Stracke, R., Torjek, O., Altmann, T., Mitchell-Older, T. and Weishaar, B. Large-scale identification and analysis of genome-wide single-nucleotide polymorphisms for mapping in Arabidopsis thaliana Genome Res. 13 (6), 1250-1257 (2003)

JOURNAL MEDLINE 22683290

PUBMED 12799357

COMMENT Contact: Weishaar B

ADIS DNA core facility at MPZ Max-Planck-Institute for Plant Breeding Research Carl-von-Linne Weg 10, 50829 Koeln, Germany

654 bp

mRNA

linear

EST 06-NOV-2003

Fax: 00492215062851
 Email: weishnaa@mpik-koeln.mpg.de
 Insert Length: 654 Std Error: 0.00
 Plates: 4 Row: 0 Column: 24
 Seq primer: T7R: CTATACGACTCCTATAGGGA.
 Location/Qualifiers
 source

1. 654
 /organism="Arabidopsis thaliana"
 /mol_type="mRNA"
 /cultivar="Cape Verde Island (Cv1)"
 /db_xref="GABI:592180"
 /db_xref="taxon:3702"
 /clone="MP12P710244Q"
 /tissue_type="whole plant"
 /dev_stage="adult plant, mixed stresses"
 /lab_host="E. coli TOP10"
 /clone_lib="MP12-ADIS-014"
 /note="Vector: pSPORT1; Site 1: SalI; Site 2: NotI; cDNA library from Arabidopsis thaliana, accession Cv1; six weeks old total plants grown under long-day conditions in soil, whole adult plants were treated for 24 hours with different stresses, (1) at 4 Grad C in the dark, (2), at 37 Grad C in the dark, (3) lying in the lab after removing from soil, (4) in the greenhouse after wounding leaves with a forceps, (5) in the lab watering with a 150 mM NaCl solution, (6) at 26 Grad C in the light/UV; equal quantities of stressed plant material were pooled; library was made at the Max-Planck-Institute for Plant Breeding Research, Cologne, Germany; cloning sites SalI-NotI, primer sites and orientation:
 T7-SalI-CCACGGCTCGG-5prime-cDNA-polyA-CC-NotI-SP6. Note: Sequencing granted in the context of the GABI Arabidopsis Verbund I: Genetic Diversity, 'Establishment of high-efficiency SNP-based mapping tools and development of methods for genome-wide mutation detection' PI: Bernd Weishaar Sequence submission managed by RZPD/GABI-Primary database: http://gabi.rzpd.de. This clone is available from RZPD, contact RZPD (clone@rzpd.de) for further information."

ORIGIN

Query Match 25.4%; Score 654; DB 14; Length 654;
 Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 1,3e-157;
 Matches 654; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

246 AATTAACTCGGATGATTGAGTGTGATCTGTCGCGGCTGCTTGGCA 305
 1 AATTAACTCGGATGATTGAGTGTGATCTGTCGCGGCTGCTTGGCA 60

306 GGCAAGGCTGTTATGACAACTAGCAATAGAGCTTGGGATCTTCAGAGCTC 365
 61 GGCAAGGCTGTTATGACAACTAGCAATAGAGCTTGGGATCTTCAGAGCTC 120

366 AGACTGAACCTGATGGAAGCTGTGCTGTGTCGCAAGAGCTTTATGGCTTACT 425
 121 AGACTGAACCTGATGGAAGCTGTGCTGTGTCGCAAGAGCTTTATGGCTTACT 180

426 ATGACATATGTTGACAGCTTGAATGAGGAGCTCACTCTGTTGAATGACGTA 485
 101 ATGACATATGTTGACAGCTTGAATGAGGAGCTCACTCTGTTGAATGACGTA 240

486 GTTTAGAGACAGAGATTTCAGAGCAACTTAAGAACTGTCAAGTCTATGCTTGAAT 545
 241 GTTTAGAGACAGAGATTTCAGAGCAACTTAAGAACTGTCAAGTCTATGCTTGAAT 300

546 TGAAGGTTATTCATTTTCAATGAGATGATGCTTATAGACCCGGAAGCCCATATC 605
 301 TGAAGGTTATTCATTTTCAATGAGATGATGCTTATAGACCCGGAAGCCCATATC 360

606 AGGATCTTCTGATTTTCTGAGATAAGATAGCTTATGCTCTATGCTGCTTGAAC 665
 361 AGGATCTTCTGATTTTCTGAGATAAGATAGCTTATGCTCTATGCTGCTTGAAC 420

QY 666 TGAAGGATCTCTGATTTCTTCTGAGAGATGTAAGGCTTCTTACACAGGCCCTCCAA 725
 DB 421 TGAAGGATCTCTGATTTCTTCTGAGAGATGTAAGGCTTCTTACACAGGCCCTCCAA 480

QY 726 GTGATCTTACTCAAGGTTGATGACACTTTTGTAAAGAAAACATCAAGATGATTA 785
 DB 481 GTGATCTTACTCAAGGTTGATGACACTTTTGTAAAGAAAACATCAAGATGATTA 540

QY 786 CATTGGGGACAAATCAAGATTAGGAGAGGGGATGATGCAAAAGTCAAGCTGAG 845
 DB 541 CATTGGGGACAAATCAAGATTAGGAGAGGGGATGATGCAAAAGTCAAGCTGAG 600

QY 846 TCAATGACGCTTATGCTGGATTCCTGTCATCATATACCAAGTGGTATCAGCTG 899
 DB 601 TCAATGACGCTTATGCTGGATTCCTGTCATCATATACCAAGTGGTATCAGCTG 654

RESULT 9
 LOCUS AY105865 1685 bp mRNA linear HTC 16-OCT-2002
 DEFINITION Zea mays PC0085448 mRNA sequence.
 ACCESSION AY105865
 VERSION AY105865.1 GI:21208943
 KEYWORDS HTC.
 SOURCE Zea mays
 ORGANISM Zea mays
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Poales; Poaceae; PACAD
 clade; Panicoideae; Andropogoneae; Zea.
 1 (bases 1 to 1685)
 Hailey, C.F., Dolan, M., Miao, G.H., Vogel, J.M., Whitesitt, M.S.,
 Arthur, L.W., Hanley, M., Morgante, M. and Tingey, S.V.
 Maize Mapping Project/Dupont Consensus Sequences for Design of
 Overgo Probes
 Unpublished (2002)
 2 (bases 1 to 1685)
 Coe, E.H.
 Direct Substitution
 Submitted (25-APR-2002) Maize Mapping Project, University of
 Missouri, Columbia, MO 65211, USA

REFERENCE
 JOURNAL
 AUTHORS
 TITLE
 JOURNAL
 COMMENT
 If you are interested in getting corresponding physical clones, these are publicly available from ZmDB and may be found by BLAST searching at MSL, maize-map.org; ZmDB, www.zmdb.iastate.edu; TIGR, www.tigr.org; or NCBI, www.ncbi.nlm.nih.gov. When the source of the maize cDNA sequences is either Virginia Walbot, Stanford or Pat Schnable, Iowa State, then clones may be requested from ZmDB: www.zmdb.iastate.edu.

FEATURES

source

1. 1685
 /organism="Zea mays"
 /mol_type="mRNA"
 /db_xref="MaizeDB:634799"
 /db_xref="taxon:4577"
 /clone_lib="Maize Mapping Project/Dupont Consensus library"
 /note="this sequence is part of a project of EST assemblies resulting from the application of public configs to seed Dupont configs; this resource was assembled by Dupont as part of a collaboration for the overgo addressing of BACs in conjunction with the Maize Mapping Project"

ORIGIN

Query Match 25.4%; Score 653.4; DB 11; Length 1685;
 Best Local Similarity 67.5%; Pred. No. 2,3e-157;
 Matches 918; Conservative 0; Mismatches 441; Indels 0; Gaps 0;

QY 914 GTCTCAGAGACTACGTTGGAACCTTGTTCATCAAGATGCTGTTATGGCTCG 973
 DB 11 GTCTCAGAGAGGAAAGATCGTACCTTTCCACAGAGCAAAATTTGGGGCATGT 70

QY 974 ATCAAGATTTAAATGCTGCTGACATGAGAGTGTGAGAGGAAAGTTCAGAAAGCTT 1033

QY 1690 AAAGCATAGTTCTGATGCAAAAGTTGACTATCCAGAGCGCTGTAAGGATGGAAC 1749
 DB 248 AAAGCCATAGTTCTGATGCAAAAGTTGACTATCCAGAGCGCTGTAAGGATGGAAC 307
 QY 1750 CCTTCTTGTGCAATAGAGATCTGAGAGCAAGTCTGTCTTAAAGAGCTTATTTTGTCT 1809
 DB 308 CCTTCTTGTGCAATAGAGATCTGAGAGCAAGTCTGTCTTAAAGAGCTTATTTTGTCT 367
 QY 1810 GCAGAGCATAGAGTCACTTGTATGTTGAGCAAGGCGCAAGTAGATACATACATACC 1869
 DB 368 GCAGAGCATAGAGTCACTTGTATGTTGAGCAAGGCGCAAGTAGATACATACATACC 427
 QY 1870 AGAAGCAGGATCAATCAACCATGAGTACTGTGCAAGGCTTGACCTGTGAGTGTAGA 1929
 DB 428 AGAAGCAGGATCAATCAACCATGAGTACTGTGCAAGGCTTGACCTGTGAGTGTAGA 487
 QY 1930 AGAAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1989
 DB 488 AGAAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 547
 QY 1990 TGTGACAGAGATCAAGAGTTCAGAGCTATTCCTCGCCAGTGTAGTGTAGTGTGT 2049
 DB 548 TGTGACAGAGATCAAGAGTTCAGAGCTATTCCTCGCCAGTGTAGTGTAGTGTGT 607
 QY 2050 GTTCCACACAGCCAGACACAGATTCCTGAGTGTGTCCGATTTGACTGTGTGAGA-GG 2108
 DB 608 G-TCCACATGCGCCGACATGATTCCTGAGTGTGTCCGATTTGACTGTGTGAGA-GG 666
 QY 2109 TGCGGATAGACAGGCGAGATCCATGCTGT 2140
 DB 667 TGTGGATAGACAGGCTGTGATTCATGTTGT 698

RESULT 11

AVS60359

LOCUS

AVS60359 Arabidopsis thaliana 619 bp mRNA linear EST 07-SEP-2000
 DEFINITION thaliana CDNA clone S013e03f 3', mRNA sequence.

ACCESSION

AVS60359

VERSION

AVS60359.1

KEYWORDS

EST

SOURCE

Arabidopsis thaliana

ORGANISM

Arabidopsis thaliana (thale cress)

REFERENCE

Asamizu, E., Nakamura, Y., Sato, S. and Tabata, S.

AUTHORS

Asamizu, E., Nakamura, Y., Sato, S. and Tabata, S.

TITLE

A large scale analysis of CDNA in Arabidopsis thaliana: Generation

of 12,028 non-redundant expressed sequence tags from normalized and

size-selected cDNA libraries

JOURNAL

DNA Res. 7 (3), 175-180 (2000)

MEDLINE

20363092

COMMENT

10907847

FEATURES

source

1. 619

/organism="Arabidopsis thaliana"

/mol_type="mRNA"

/strain="Columbia"

/db_xref="taxon:3702"

/clone="S013e03f"

/cissue_type="green silique"

/clone_lib="Arabidopsis thaliana green silique Columbia"

/note="Vector: pBluescriptII SK-, Site_1: EORI, Site_2: XhoI"

ORIGIN

Query Match

24.1%; Score 619; DB 9; Length 619;

Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 1,4e-148;
 Matches 619; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
 QY 933 TTGGAACCTTGTTCATCAAGATGCTGTTATGAGCTCCGATCAGATTCATATGCTC 992
 DB 1 TTGGAACCTTGTTCATCAAGATGCTGTTATGAGCTCCGATCAGATTCATATGCTC 60
 QY 993 GTGACATGAGATGCTGTCGAGAGGAAAGTTCCAGAAAGCTTCAGAGCTTATCTCGAAG 1052
 DB 61 GTGACATGAGATGCTGTCGAGAGGAAAGTTCCAGAAAGCTTCAGAGCTTATCTCGAAG 120
 QY 1053 ACAGAAAAAATTCCTGCTGATATATCCGATGCTCCGATCAAAATGTTACTACATCA 1112
 DB 121 ACAGAAAAAATTCCTGCTGATATATCCGATGCTCCGATCAAAATGTTACTACATCA 180
 QY 1113 AACCTGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1172
 DB 181 AACCTGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 240
 QY 1173 TGAGCTGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1232
 DB 241 TGAGCTGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 300
 QY 1233 TACCTGATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1292
 DB 301 TACCTGATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 360
 QY 1293 TGTGCTTAAAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1352
 DB 361 TGTGCTTAAAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 420
 QY 1353 CTGATGACCTTGTACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1412
 DB 421 CTGATGACCTTGTACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 480
 QY 1413 AGGTGGAAGAGAGGCGCCGATCAAAAGCTATCTTACACAGAGTATCATGATGACA 1472
 DB 481 AGGTGGAAGAGAGGCGCCGATCAAAAGCTATCTTACACAGAGTATCATGATGACA 540
 QY 1473 TTCCAGAGATGCTGAGGAGTAAATCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1532
 DB 541 TTCCAGAGATGCTGAGGAGTAAATCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 600
 QY 1533 ATTGCTTAAAGCTTGAAGA 1551
 DB 601 ATTGCTTAAAGCTTGAAGA 619

RESULT 12

CB257169

LOCUS

CB257169

DEFINITION

42-E012743-027-007-D11-T7R MP12-ADIS-027 Arabidopsis thaliana CDNA

clone MP12p77D117Q 5-PRIME, mRNA sequence.

ACCESSION

CB257169

VERSION

CB257169.1

KEYWORDS

EST

SOURCE

Arabidopsis thaliana (thale cress)

ORGANISM

Arabidopsis thaliana

REFERENCE

Schmid, K.J., Soerensen, T.R., Stracke, R., Torjek, O., Altmann, T.,

Mitchell-Olds, T. and Weisshaar, B.

Large-scale identification and analysis of genome-wide

single-nucleotide polymorphisms for mapping in Arabidopsis thaliana

Genome Res. 13 (6), 1250-1257 (2003)

JOURNAL

22683290

MEDLINE

12799357

COMMENT

Contact: Weisshaar B

ADIS DNA core facility at MP12

Max-Planck-Institute for Plant Breeding Research

Carl-von-Linne Weg 10, 50829 Koeln, Germany

Fax: 00492215062851
 Email: weisshaampiz-koeln.mpg.de
 Insert Length: 648 Std Error: 0.00
 Plate: 7 row: D column: 11
 Seq primer: T7R: CTAATAGCATCTCATATGAGGA.
 Location/Qualifiers

FEATURES

1. 648
 /organism="Arabidopsis thaliana"
 /mol_type="mRNA"
 /cultivar="Bifol-2 (E1-2)"
 /db_xref="GABI:592948"
 /db_xref="taxon:3702"
 /clone="MP12P72D117Q"
 /tissue_type="whole plant"
 /dev_stage="adult plant, mixed stressess"
 /lab_host="E. coli TOP10"
 /clone_1lb="MP12-ADIS-027"
 /note="Vector: pSPORT1; Site 1: SalI; Site 2: NotI; cDNA library from Arabidopsis thaliana, accession Bifol-2; ten week old total plants grown under long-day conditions in soil, whole adult plants were treated for 24 hours with different stresses, (1) at 4M-0 C in the dark, (2), at 37 Grad C in the dark, (3) lying in the lab after removing from soil, (4) in the greenhouse after wounding leaves with a forceps, (5) in the lab watering with a 150 mM NaCl solution, (6) at 26 M-0C in the light/UV; equal quantities of stressed plant material were pooled; library was made at the Max-Planck-Institute for Plant Breeding Research, Cologne, Germany; cloning sites SalI-NotI, PstI-SalI-CCAGCGTCG-5prime-cDNA-polyA-CC-NotI-Sp6; Note: Sequencing granted in the context of the GABI Arabidopsis Verbund I: Genetic Diversity, 'Establishment of high-efficiency SNP-based mapping tools and development of methods for genome-wide mutation detection' PI: Bernd Weisshaar Sequence submission managed by RZPD/GABI-Primary database: <http://gabi.rzpd.de>. This clone is available from RZPD; contact RZPD (clone@rzpd.de) for further information."

ORIGIN

Query Match 23.8%; Score 612; DB 14; Length 648;
 Best Local Similarity 99.5%; Pred. No. 9.3e-147;
 Matches 634; Conservative 0; Mismatches 1; Indels 2; Gaps 2;

935 GGAACCTGTTTCA-TCAAGATGCTGTTTATGGGCTCCGATCAGATCTTAATGCTCG 993
 12 GGAACCTGTTTCACTCAAGATGCTGTTTATGGGCTCCGATCAGATCTTAATGCTCG 71
 994 TGAATGATGATGCTGCTGCGAGGAAAGTTCCAGAAAGCTTCAGGCTTATCTTCGAGAA 1053
 72 TGAATGATGATGCTGCTGCGAGGAAAGTTCCAGAAAGCTTCAGGCTTATCTTCGAGAA 131
 1054 CAGGAAATTAATTCCTGCTGATTTTCCGATGCTTCGAGCAATGTTTCACTCAATCAA 1113
 132 CAGGAAATTAATTCCTGCTGATTTTCCGATGCTTCGAGCAATGTTTCACTCAATCAA 191
 1114 AGCTGGAATGATGATGATGATGCTTCGACAGAGAGCTGGGTGGAAGAGTCAATGAT 1173
 192 AGCTGGAATGATGATGATGATGCTTCGACAGAGAGCTGGGTGGAAGAGTCAATGAT 251
 1174 GGTGCTGCTTATGATGATGATGATGCTTCGACAGAGAGCTGGGTGGAAGAGTCAATGAT 1233
 252 GGTGCTGCTTATGATGATGATGATGCTTCGACAGAGAGCTGGGTGGAAGAGTCAATGAT 311
 1234 AGCTGATGATGATGATGATGATGCTTCGACAGAGAGCTGGGTGGAAGAGTCAATGAT 1293
 312 AGCTGATGATGATGATGATGATGCTTCGACAGAGAGCTGGGTGGAAGAGTCAATGAT 371
 1294 TGTCTTATGAGAGAGCTCATCACTCAATGAGCGGCTTCTGATGTTTGTGGAATCCGAGC 1353
 372 TGTCTTATGAGAGAGCTCATCACTCAATGAGCGGCTTCTGATGTTTGTGGAATCCGAGC 431

QY 1354 TGATGCACTTTAGAGATAGTCTTCACTTCCATCCGATGAGGAATGATCTTCTGTGAA 1413
 DB 432 TGATGCACTTTAGAGATAGTCTTCACTTCCATCCGATGAGGAATGATCTTCTGTGAA 491
 QY 1414 GGGTGAAGAGAGGCGCGCGCATCAATGCTATTTTACAGAGTATCACTGATGCAAT 1473
 DB 492 GGGTGAAGAGAGGCGCGCGCATCAATGCTATTTTACAGAGTATCACTGATGCAAT 551
 QY 1474 TCCAGAGACTGTT-GGGGGTAACTCAATGAGCTTGGACTTCAAGAGAGATTCCTG 1532
 DB 552 TCCAGAGACTGTTGGGGGTAACTCAATGAGCTTGGACTTCAAGAGAGATTCCTG 611
 QY 1533 ATTGCTTAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1569
 DB 612 ATTGCTTAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 648

RESULT 13

LOCUS

DEFINITION

ACCESSION

VERSION

KEYWORDS

SOURCE

ORGANISM

REFERENCE

AUTHORS

TITLE

JOURNAL

MEDLINE

PUBMED

COMMENT

CONTACT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

COMMENT

ORIGIN

Query Match 23.2%; Score 596.4; DB 9; Length 598;
 Best Local Similarity 99.8%; Pred. No. 9.8e-143;
 Matches 597; Conservative 0; Mismatches 1; Indels 0; Gaps 0;

1922 GTTGTAGAGAGCTTTATGTTGCTATAGATCAATTCAGCAGATGGAAGTGCACACACA 1981
 598 GTTGTAGAGAGCTTTATGTTGCTATAGATCAATTCAGCAGATGGAAGTGCACACACA 539
 DB 1982 GATTCGATGTTGACAGAGATCAAGAGTGCAGAGTATCTTGGCCAAAGTGAATAGC 2041
 538 GATTCGATGTTGACAGAGATCAAGAGTGCAGAGTATCTTGGCCAAAGTGAATAGC 479
 QY 2042 GCTGCTGTTTCCACACAGCAGACAGATTCCTGATGATGTTTCCGATTTGAGCTTGGT 2101
 DB 478 GCTGCTGTTTCCACACAGCAGACAGATTCCTGATGATGTTTCCGATTTGAGCTTGGT 419

QY 2102 GGAGAGGTGGGGTAAAGACGGGACAGGATCCATGCTCGTCCAGTGGGGTGGAGGA 2161
 DB 418 GAGAGGTGGGGTAAAGACGGGACAGGATCCATGCTCGTCCAGTGGGGTGGAGGA 359
 QY 2162 TTACTTACACGAGATGATTAATGAGAGGAAAGACAAAGTTGACGAGACATGGA 2221
 DB 358 TTACTTACACGAGATGATTAATGAGAGGAAAGACAAAGTTGACGAGACATGGA 299
 QY 2222 ATTGTTTAAACCCATCAGACATTCCTCCATCCAGCTTAAACAGACTCCAGAGTGTGT 2281
 DB 298 ATTGTTTAAACCCATCAGACATTCCTCCATCCAGCTTAAACAGACTCCAGAGTGTGT 239
 QY 2282 TTGTGATTTGGTTGAGCTTGGAGAGACACAGAGAGATGGGCTTTTGTTCCT 2341
 DB 238 TTGTGATTTGGTTGAGCTTGGAGAGACACAGAGAGATGGGCTTTTGTTCCT 179
 QY 2342 CTCTGCTTACTGATCTATTCCTATCTATTATTATTACTTACTTATTATGAAACC 2401
 DB 178 CTCTGCTTACTGATCTATTCCTATCTATTATTATTACTTACTTATTATGAAACC 119
 QY 2402 TCCTATGATGAGTGGTTGATTTAGGTTAGGATTCACCAAAATAGATCCACTTA 2461
 DB 118 TCCTATGATGAGTGGTTGATTTAGGTTAGGATTCACCAAAATAGATCCACTTA 59
 QY 2462 CCACCTTAGTCTGCTCATAGTACGATGAGAAACATTATTAAGCTTCTCTTCTGTC 2519
 DB 58 CCACCTTAGTCTGCTCATAGTACGATGAGAAACATTATTAAGCTTCTCTTCTGTC 1

RESULT 14
 LOCUS CB258886 595 bp mRNA linear EST 06-NOV-2003
 DEFINITION 09-ED12732-014-002-A03-T7R MP12-ADIS-014 Arabidopsis thaliana cDNA
 ACCESSION CB258886
 VERSION CB258886.1 GI:32883659
 KEYWORDS EST.
 SOURCE Arabidopsis thaliana (thale cress)
 ORGANISM Arabidopsis thaliana
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
 rosids; eurosids II; Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsis.
 1 (bases 1 to 595)
 Schmidt, K.J., Sørensen, T.R., Stracke, R., Torjek, O., Altman, T.,
 Mitchell-Olds, T., and Weisshaar, B.
 Large-scale identification and analysis of genome-wide
 single-nucleotide polymorphisms for mapping in Arabidopsis thaliana
 Genome Res. 13 (6), 1250-1257 (2003)
 JOURNAL MEDLINE 22683290
 COMMENT 12798357
 CONTACT: Weisshaar B
 ADIS DNA core facility at MP12
 Max-Planck-Institute for Plant Breeding Research
 Carl-von-Linne Weg 10, 50829 Köln, Germany
 Fax: 00492215062851
 Email: weisshaar@mp12-koeln.mpg.de
 Insert Length: 595 Std Error: 0.00
 Plate: 2 row: A column: 03
 Seq primer: T7R; CTAATGACACTCACTATGAGGA.
 Location/Qualifiers
 1..595
 /organism="Arabidopsis thaliana"
 /mol_type="mRNA"
 /cultiivar="Cape Verde Island (Cv1)"
 /db_xref="GABI:590719"
 /db_xref="taxon:3702"
 /clone="MP12p71A0320"
 /tissue_type="whole plant"
 /dev_stage="adult plant, mixed stresses"
 /lab_host="E. coli TOP10"
 /clone_id="MP12-ADIS-014"
 /note="Vector: pSPORT1, Site_1: SalI, Site_2: NotI, cDNA

library from Arabidopsis thaliana, accession Cv1; six
 weeks old total plants grown under long-day conditions in
 soil, whole adult plants were treated for 24 hours with
 different stresses, (1) at 4 Grad C in the dark, (2), at
 37 Grad C in the dark, (3) lying in the lab after removing
 from soil, (4) in the greenhouse after wounding leaves
 with a forceps, (5) in the lab watering with a 150 mM
 NaCl solution, (6) at 26 Grad C in the light/UV; equal
 quantities of stressed plant material were pooled; library
 was made at the Max-Planck-Institute for Plant Breeding
 Research, Cologne, Germany; cloning sites SalI-NotI,
 primer sites and orientation:
 T7-SalI-CCACGCGTCG-5pPrime-cDNA-polyA-CC-NotI-Spe; Note:
 Sequencing granted in the context of the GABI Arabidopsis
 Verbund I: Genetic Diversity, 'Establishment of
 high-efficiency SNP-based mapping tools and development of
 methods for genome-wide mutation detection'. PI: Bernd
 Weisshaar Sequence submission managed by RZPD/GABI-Primary
 database: <http://gabi.rzpd.de>. This clone is available
 from RZPD; contact RZPD (clone@rzpd.de) for further
 information."

ORIGIN

Query Match 23.0%; Score 591.8; DB 14; Length 595;
 Best Local Similarity 99.7%; Pred. No. 1.5e-141;
 Matches 595; Conservative 0; Mismatches 2; Indels 0; Gaps 0;

QY 1 CTGATATTTATTTCTTACTTAATAGACGGTGGCTTCACTAGTCCGACTCAGTTAAC 60
 DB 1 CTGATATTTATTTCTTACTTAATAGACGGTGGCTTCACTAGTCCGACTCAGTTAAC 60
 QY 61 TCGTCT 120
 DB 61 TCGTCT 120
 QY 61 TCGTCT 120
 DB 61 TCGTCT 120
 QY 121 TCGTTCACGCTGCTTTGCCAGACGCTCAACGCTATGCTGTTAAGTTGGACAGCACT 180
 DB 121 TCGTTCACGCTGCTTTGCCAGACGCTCAACGCTATGCTGTTAAGTTGGACAGCACT 180
 QY 181 TGTACTGGAAGAGGTGGAAGATTGGCTCTTGGCTGTTAAGACGCTGTGTGAACGCT 240
 DB 181 TGTACTGGAAGAGGTGGAAGATTGGCTCTTGGCTGTTAAGACGCTGTGTGAACGCT 240
 QY 181 TGTACTGGAAGAGGTGGAAGATTGGCTCTTGGCTGTTAAGACGCTGTGTGAACGCT 240
 DB 181 TGTACTGGAAGAGGTGGAAGATTGGCTCTTGGCTGTTAAGACGCTGTGTGAACGCT 240
 QY 241 TGGGGAATTAACCTCGGATGATTTGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 300
 DB 241 TGGGGAATTAACCTCGGATGATTTGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 300
 QY 241 TGGGGAATTAACCTCGGATGATTTGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 300
 DB 241 TGGGGAATTAACCTCGGATGATTTGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 300
 QY 301 TGGGAGCAAGAGCTTGGTATGACATTAATGACATTAATGACATTAATGACATTAATGAC 360
 DB 301 TGGGAGCAAGAGCTTGGTATGACATTAATGACATTAATGACATTAATGACATTAATGAC 360
 QY 301 TGGGAGCAAGAGCTTGGTATGACATTAATGACATTAATGACATTAATGACATTAATGAC 360
 DB 301 TGGGAGCAAGAGCTTGGTATGACATTAATGACATTAATGACATTAATGACATTAATGAC 360
 QY 361 GCTTCAGACCTGACCTGATGAGGAGGCTTGTGCTGTTGAGCAAGAGCTTATGGC 420
 DB 361 GCTTCAGACCTGACCTGATGAGGAGGCTTGTGCTGTTGAGCAAGAGCTTATGGC 420
 QY 361 GCTTCAGACCTGACCTGATGAGGAGGCTTGTGCTGTTGAGCAAGAGCTTATGGC 420
 DB 361 GCTTCAGACCTGACCTGATGAGGAGGCTTGTGCTGTTGAGCAAGAGCTTATGGC 420
 QY 421 TTACTATGACATGATGTTTACACGCTTGAATGAGGAGCTCAACTTGTGATGA 480
 DB 421 TTACTATGACATGATGTTTACACGCTTGAATGAGGAGCTCAACTTGTGATGA 480
 QY 421 TTACTATGACATGATGTTTACACGCTTGAATGAGGAGCTCAACTTGTGATGA 480
 DB 421 TTACTATGACATGATGTTTACACGCTTGAATGAGGAGCTCAACTTGTGATGA 480
 QY 481 CAGTAGTTTAAAGACAGGATTTGAGGAGCACTTAATGAACGCTGAAGCTATGCT 540
 DB 481 CAGTAGTTTAAAGACAGGATTTGAGGAGCACTTAATGAACGCTGAAGCTATGCT 540
 QY 481 CAGTAGTTTAAAGACAGGATTTGAGGAGCACTTAATGAACGCTGAAGCTATGCT 540
 DB 481 CAGTAGTTTAAAGACAGGATTTGAGGAGCACTTAATGAACGCTGAAGCTATGCT 540
 QY 541 TGATTGAGGCTTATTCATTTTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 595
 DB 541 TGATTGAGGCTTATTCATTTTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 595

RESULT 15
 LOCUS BU635444 591 bp mRNA linear EST 23-SEP-2002
 DEFINITION 023B04 Infected Arabidopsis leaf Arabidopsis thaliana cDNA, mRNA
 sequence.

ACCESSION BU635444
 VERSION BU635444.1 GI:23302699
 KEYWORDS EST.
 SOURCE Arabidopsis thaliana (thale cress)
 ORGANISM Arabidopsis thaliana
 Eukaryote; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
 rosids; eurosids II; Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsis.
 1 (bases 1 to 591)
 Lundegaard, M., Emmersen, J., Nielsen, K.L., Wilson, I., Somerville, S.
 and Welinder, K.G.
 EST sequencing of Erysiphe cichoracearum infected Arabidopsis
 plants
 JOURNAL Unpublished (2002)
 COMMENT Contact: Karen G. Welinder
 Institut for bioteknologi
 Aalborg Universitet
 Sohngaardsholmsvej 49, 9000 Aalborg, Denmark
 Tel: +45 96358467
 Fax: +45 98141808
 Email: kgw@bio.auc.dk.
 Location/Qualifiers
 1..591
 /organism="Arabidopsis thaliana"
 /mol_type="mRNA"
 /strain="Columbia"
 /db_xref="taxon:3702"
 /db_xref="plant 3 weeks old, three days post infection"
 /clone_lib="infected Arabidopsis leaf"
 /note="Organ: Leaf; Vector: pBluescript; Mixed cDNA
 library of Arabidopsis and E. cichoracearum infected leaf
 from three weeks old Arabidopsis plants. Plants were
 harvested 3 days after infection and mRNA oligo dt
 selected."
 ORIGIN
 Query Match 22.2%; Score 570.8; DB 13; Length 591;
 Best Local Similarity 99.7%; Pred. No. 4e-136;
 Matches 572; Conservative 0; Mismatches 2; Indels 0; Gaps 0;
 QY 1998 AGGATCGAAGTTCAGAGCTATTCCTTGGCCAGTAGAGCTGCTGTGTCACA 2057
 DB 1 ACGGACGAGAGTTCAGAGCTATTCCTTGGCCAGTAGAGCTGCTGTGTCACA 60
 QY 2058 ACGGACGAGAGTTCAGAGCTATTCCTTGGCCAGTAGAGCTGCTGTGTCACA 2117
 DB 61 ACGGACGAGAGTTCAGAGCTATTCCTTGGCCAGTAGAGCTGCTGTGTCACA 120
 QY 2118 GCAAGGAGAGTTCAGAGCTATTCCTTGGCCAGTAGAGCTGCTGTGTCACA 2177
 DB 121 GCAAGGAGAGTTCAGAGCTATTCCTTGGCCAGTAGAGCTGCTGTGTCACA 180
 QY 2178 GGAATGAG 2237
 DB 181 GGAATGAG 240
 QY 2238 AGGATTCCTTCAGAGCTTAAACAAGCTTCCAGTGTGTTGTTGTTGTTGTTG 2297
 DB 241 AGGATTCCTTCAGAGCTTAAACAAGCTTCCAGTGTGTTGTTGTTGTTGTTG 300
 QY 2298 GACTTGAAG 2357
 DB 301 GACTTGAAG 360
 QY 2358 TATCTTCACTTATTTATTTACTACTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 2417
 DB 361 TATCTTCACTTATTTATTTACTACTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 420
 QY 2418 TTGATTTAGGTTAGGTTGCAACCAAAATAAGATCACTTACCACTTAGCTTGC 2477
 DB 421 TTGATTTAGGTTAGGTTGCAACCAAAATAAGATCACTTACCACTTAGCTTGC 480
 QY 2478 ATAGATGATGAAGAACTTTATTTAGCTTCTCTTGTGCTATTTAGACTACAC 2537

DB 481 ATAGATGATGAAGAACTTTATTTAGCTTCTCTTGTGCTATTTAGACTACAC 540
 QY 2538 ATTTCTGATCTTTATCAAGATPACTACTTTTC 2571
 DB 541 ATTTCTGATCTTTATCAAGATPACTACTTTTC 574

Search completed: March 10, 2004, 23:46:47
 Job time: 5875.85 secs

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2004 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: March 10, 2004, 10:31:30 ; Search time 6881.99 Seconds

(without alignments)
11544.306 Million cell updates/sec

Title: US-10-026-767-3

Perfect score: 1833

Sequence: 1 agcgtttagaanaaaacagc.....ataaaatgcttttacttc 1833

Scoring table: IDENTITY_NUC
Gapop 10.0, Gapext 1.0

Searched: 3470272 seqs, 21671516995 residues
Total number of hits satisfying chosen parameters: 6940544

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 200000000

Post-processing: Minimum Match 0%

Maximum Match 100%

Database :

Listing first 45 summaries

```

1: GenBml:*
2: gb_ba:*
3: gb_hcg:*
4: gb_in:*
5: gb_ov:*
6: gb_pac:*
7: gb_ph:*
8: gb_pl:*
9: gb_pr:*
10: gb_ro:*
11: gb_ses:*
12: gb_sy:*
13: gb_un:*
14: gb_vl:*
15: em_ba:*
16: em_fun:*
17: em_hum:*
18: em_in:*
19: em_mu:*
20: em_om:*
21: em_or:*
22: em_ov:*
23: em_pac:*
24: em_pa:*
25: em_pl:*
26: em_ro:*
27: em_ses:*
28: em_un:*
29: em_vl:*
30: em_hcg_hum:*
31: em_hcg_inv:*
32: em_hcg_other:*
33: em_hcg_mus:*
34: em_hcg_pln:*
35: em_hcg_rtd:*
36: em_hcg_rtd:*
37: em_hcg_vtc:*
38: em_sy:*
39: em_hcg_hum:*
40: em_hcg_mus:*
41: em_hcg_other:*

```

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a

score greater than or equal to the score of the result being printed,
and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	1833	100.0	1833	8 D83025	D83025 Arabidopsis
2	1825.2	99.6	1841	8 AY074571	AY074571 Arabidopsis
3	1818.4	99.2	1854	8 AF428306	AF428306 Arabidopsis
4	1817.8	99.2	1855	8 ATPOX	X97075 A.thaliana
5	1722.8	94.0	1745	8 ATU59508	U59508 Arabidopsis
6	1490.4	81.3	1500	6 AX651553	AX651553 Sequence
7	1457.8	79.5	1461	6 AX506715	AX506715 Sequence
8	949.4	51.8	82347	8 AB028614	AB028614 Arabidopsis
9	525.6	28.7	669	8 AB097404	AB097404 Arabidopsis
10	479.2	26.1	47460	8 AB011478	AB011478 Arabidopsis
11	441.8	24.1	1872	8 AB046419	AB046419 Nicotiana
12	274	14.9	1782	8 AK121010	AK121010 Oryza sat
13	261	14.2	333	8 AF171226	AF171226 Brassica
14	258	14.1	1227	6 AX653926	AX653926 Sequence
15	240.5	13.1	84914	8 AP006372	AP006372 Lotus cor
16	227.2	12.4	144798	8 AC026758	AC026758 Oryza sat
17	227.2	12.4	304419	8 AE017118	AE017118 Oryza sat
18	170	9.3	1573	8 AB008810	AB008810 Arabidopsis
19	157.8	8.6	417	8 AY327888	AY327888 Medicago
20	151	8.2	2000	6 AX509409	AX509409 Sequence
21	151	8.2	2000	6 AX652724	AX652724 Sequence
22	149	8.1	36034	8 AP001295	AP001295 Arabidopsis
23	145.6	7.9	702	8 ATHS24542	AJ524542 Arabidopsis
24	130.4	7.1	2112	10 BC037468	BC037468 Mus muscu
25	130.4	7.1	2228	10 MM080020	U80020 Mus muscu
26	123.6	6.7	1494	6 AR371475	AR371475 Sequence
27	123.6	6.7	2240	6 AR371478	AR371478 Sequence
28	123.6	6.7	2240	10 AF120279	AF120279 Mus muscu
29	119.4	6.5	121	6 AX324851	AX324851 Sequence
30	119.4	6.5	121	6 AX324852	AX324852 Sequence
31	119.4	6.5	121	6 AX324853	AX324853 Sequence
32	119.4	6.5	121	6 AX324860	AX324860 Sequence
33	119.4	6.5	121	6 AX324863	AX324863 Sequence
34	119.4	6.5	121	6 AX324864	AX324864 Sequence
35	119.4	6.5	121	6 AX324867	AX324867 Sequence
36	119.4	6.5	121	6 AX324868	AX324868 Sequence
37	117.8	6.4	121	6 AX324855	AX324855 Sequence
38	117.8	6.4	121	6 AX324856	AX324856 Sequence
39	107.2	5.8	1551	6 AR371474	AR371474 Sequence
40	107.2	5.8	2389	9 AF120278	AF120278 Homo sapi
41	107.2	5.8	2389	9 AF120278	AF120278 Homo sapi
42	107.2	5.8	2389	9 HSU62381	U62381 Human proli
43	106.8	5.8	2400	9 HSU79754	U79754 Human proli
44	105.8	5.8	2565	6 AX746760	AX746760 Sequence
45	105.8	5.8	2565	9 AK091063	AK091063 Homo sapi

ALIGNMENTS

RESULT 1
D83025
LOCUS D83025
DEFINITION Arabidopsis thaliana mRNA for proline oxidase precursor, complete cds.
ACCESSION D83025
VERSION D83025.1 GI:1817543
KEYWORDS proline oxidase precursor; erd5.
SOURCE Arabidopsis thaliana (thale cress)
ORGANISM Arabidopsis thaliana
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots; rosids; eustosids II; Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsids.
REFERENCE 1 (sites)
AUTHORS Kiyosue,T., Yoshida,Y., Yamaguchi-Shinozaki,K. and Shinozaki,K.

TITLE

A nuclear gene encoding mitochondrial proline dehydrogenase, an enzyme involved in proline metabolism, is upregulated by proline but downregulated by dehydration in Arabidopsis

JOURNAL

Plant Cell 8 (8), 1323-1335 (1996)

MEDLINE

96373198

REFERENCE

2 (bases 1 to 1833)

AUTHORS

Kiyosue, T., Yoshida, Y., Yamaguchi-Shinozaki, Y., and Shinozaki, K.

TITLE

Proline oxidase, the first enzyme involved in the conversion of proline to glutamate, in Arabidopsis thaliana: cDNA sequence, gene expression, immunological localization and functional complementation of yeast puti mutation

JOURNAL

Unpublished

REFERENCE

3 (bases 1 to 1833)

AUTHORS

Kiyosue, T.

TITLE

Direct Submission

JOURNAL

Submitted (25-DEC-1995) Tomohiro Kiyosue, The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN), Tsukuba Life Science Center, Laboratory of Plant Molecular Biology; 3-1-1 Koyadai, Tsukuba, Ibaraki 305, Japan (E-mail:tkiyosue@rcl.riken.go.jp, Tel:81-298-36-4359, Fax:81-298-36-9060)

FEATURES

Location/Qualifiers

source

1..1833

organism

Arabidopsis thaliana

mol_type

mRNA

db_spec

Columbia ecotype

db_xref

taxon:3702

gene

1..1833

CDS

113..1612

gene

113..1612

CDS

113..1612

gene

113..1612

CDS

113..1612

gene

113..1612

CDS

113..1612

gene

113..1612

CDS

113..1612

gene

113..1612

CDS

113..1612

gene

113..1612

CDS

113..1612

gene

113..1612

CDS

113..1612

gene

113..1612

CDS

113..1612

gene

113..1612

CDS

113..1612

gene

113..1612

CDS

113..1612

gene

113..1612

CDS

113..1612

gene

113..1612

CDS

113..1612

ORIGIN

polyA_signal
polyA_signal
polyA_site
/gene="erds"
/note="19 A nucleotides"

Query Match 100.0%; Score 1833; DB 8; Length 1833;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 1833; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

1 AGCGTTAGAAAACAGCATAAACCGAAACATGACCAACAAAAAGAA 60
1 AGCGTTAGAAAACAGCATAAACCGAAACATGACCAACAAAAAGAA 60
61 GAGAAATATATTTTGTGTTTGTGTTTCAAAAACAAATCTTGAATTTAGCAAC 120
61 GAGAAATATATTTTGTGTTTGTGTTTCAAAAACAAATCTTGAATTTAGCAAC 120
121 CCGTCTTCTCGAACAACCTTATCCGGCGATCTTACCGTTTACCGCTTTAGCCGGT 180
121 CCGTCTTCTCGAACAACCTTATCCGGCGATCTTACCGTTTACCGCTTTAGCCGGT 180
181 GGGTCTTCCACCGCTGATGCTTCCACCGCGTGTGCTCCGGAATTTCTCTTTGACA 240
181 GGGTCTTCCACCGCTGATGCTTCCACCGCGTGTGCTCCGGAATTTCTCTTTGACA 240

241 AGAAGACCGGAAACGACCTTTTACCAACCAAAACCGACGATCTCAAGATGCT 300
241 AGAAGACCGGAAACGACCTTTTACCAACCAAAACCGACGATCTCAAGATGCT 300
301 CGATCTTCCGATCAAGCCCGCTTTTCTCTTATCCCAACCTTGATCTCTCCGTT 360
301 CGATCTTCCGATCAAGCCCGCTTTTCTCTTATCCCAACCTTGATCTCTCCGTT 360
361 CACCCCGCTTGTGATCGGCGCGCATAGTCTTATGATGACCTTGAAGAGTGGTAT 420
361 CACCCCGCTTGTGATCGGCGCGCATAGTCTTATGATGACCTTGAAGAGTGGTAT 420
421 GAGCTCTAACTTATGACGCTCGGTGACCGGTGACCTGATTTAGGGCTTGAAGA 480
421 GAGCTCTAACTTATGACGCTCGGTGACCGGTGACCTGATTTAGGGCTTGAAGA 480
481 TAGCTTTATGACCAATTTTGGCCGCTGAAAGATGCGACGACCGCTGACCGGTG 540
481 TAGCTTTATGACCAATTTTGGCCGCTGAAAGATGCGACGACCGCTGACCGGTG 540
541 AAGCGTTATGAGGCTAGCTGCTTAAAGGATGCTTATGAGCGCTGACGACGCGA 600
541 AAGCGTTATGAGGCTAGCTGCTTAAAGGATGCTTATGAGCGCTGACGACGCGA 600
601 TGACGCTGATCTTGTGATGATTAATCAATCAATTCATGAAACCATTTAGCTGCA 660
601 TGACGCTGATCTTGTGATGATTAATCAATCAATTCATGAAACCATTTAGCTGCA 660
661 ATCTTACCAACATCTGCTTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 720
661 ATCTTACCAACATCTGCTTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 720
721 TAGCTTTGAAACGATGAGCGATCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 780
721 TAGCTTTGAAACGATGAGCGATCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 780
781 ACTTCATGAGAGCTCAATGCTTCCGCTTTTCTCGAATCGAGTCTCTCTACAC 840
781 ACTTCATGAGAGCTCAATGCTTCCGCTTTTCTCGAATCGAGTCTCTCTACAC 840
841 AAACCTCAAGACCGGAAACGCTTAAACCGGAAAGAAAGGAGCTCGAAGAGCTC 900
841 AAACCTCAAGACCGGAAACGCTTAAACCGGAAAGAAAGGAGCTCGAAGAGCTC 900
901 AAGGATTCAGAAATCTGTAGAAATGCGCAAGCTCAATGATCTTGTGATGATGC 960
901 AAGGATTCAGAAATCTGTAGAAATGCGCAAGCTCAATGATCTTGTGATGATGC 960
961 GGAAGACCAATCTCCCAACCGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1020
961 GGAAGACCAATCTCCCAACCGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1020
1021 CAATCTGACAAAGACCGACCAATCTGTTTAAACACGATCAAGCGCTTGAAGAC 1080
1021 CAATCTGACAAAGACCGACCAATCTGTTTAAACACGATCAAGCGCTTGAAGAC 1080
1081 CGGTAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1140
1081 CGGTAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1140
1141 CAAGTGTGAGAGGGGCTTACATGCTAGGAAAGTATGCTTCTTATGAGGTT 1200
1141 CAAGTGTGAGAGGGGCTTACATGCTAGGAAAGTATGCTTCTTATGAGGTT 1200
1201 CAAGTGTGAGAGGGGCTTACATGCTAGGAAAGTATGCTTCTTATGAGGTT 1260
1201 CAAGTGTGAGAGGGGCTTACATGCTAGGAAAGTATGCTTCTTATGAGGTT 1260
1261 ATTCTGATGAGAAAGATCAAAAGCTTCTGTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1320
1261 ATTCTGATGAGAAAGATCAAAAGCTTCTGTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1320
1321 CGGTATTCGGGAGATCTTGTGAGGAAAGGAGATGATCTCGGATCGATTAACGAA 1380

Db		1321	CGCTGATTGGGGAGACTTGGCTGCAGGAAGCAGTCACCTCGGGATCGATTAAAGCAA	1389
Oy		1361	CGGGAAAGTAGACTTTGCACAGCTATANGTATGTCAATGTCATTTGCTCCGGTTAAA	1440
Db		1361	CGGGAAAGTAGAGTTTGACAGACTATAAGTAATGCAATGCAATGTGCTTCCTTCGGTTAAA	1440
Oy		1441	GAGAGCAGGGTTCATATGTTAGCAAGTACATGCCGTTTGACCCCGTCGCAACCGCTATACC	1500
Db		1441	GAGAGCAGGGTTCATATGTTAGCAAGTACATGCCGTTTGACCCCGTCGCAACCGCTATACC	1500
Oy		1501	GTAATCTTCTCCGACCGCTTATAGAACCCGGGAATGATGGCACCGAGCTCATGACCG	1566
Db		1501	GTAATCTTCTCCGACCGCTTATAGAACCCGGGAATGATGGCACCGAGCTCATGACCG	1566
Oy		1561	TCAAATCTAATGAGTAGAGACTTAAGAAGATTAATGCCCGGGATGGGTAAAGAGAG	1620
Db		1561	TCAAATCTAATGAGTAGAGACTTAAGAAGATTAATGCCCGGGATGGGTAAAGAGAG	1620
Oy		1621	TATGAGCCATTAATAATGAAATTTGGGAAATGTAGATGAATTAATTTCTTATGATGTTA	1680
Db		1621	TATGAGCCATTAATAATGAAATTTGGGAAATGTAGATGAATTAATTTCTTATGATGTTA	1680
Oy		1661	AGAAATTTAAAAACAATAATTTATATATPAGAAATGAGTGTGATGAACATTCTCTG	1740
Db		1661	AGAAATTTAAAAACAATAATTTATATATPAGAAATGAGTGTGATGAACATTCTCTG	1740
Oy		1741	GCTAAATATTTTTTCATGAGGAGCAATGTTTTTACATCATATATATCATTCACAAATGAT	1800
Db		1741	GCTAAATATTTTTTCATGAGGAGCAATGTTTTTACATCATATATATCATTCACAAATGAT	1800
Oy		1801	ATTACCTTATCATTAATAAATGCTTTTACTTT	1833
Db		1801	ATTACCTTATCATTAATAAATGCTTTTACTTT	1833
RESULT 2				
A0704571	LOCUS	AY074571	1841 bp	mRNA linear PLN 27-JAN-2002
	DEFINITION	Arabidopsis thaliana Atg3075/MIF6.16 mRNA, complete cds.		
	ACCESSION	AY074571		
	VERSION	AY074571.1	GI:18377848	
	KEYWORDS	FLI CDNA.		
	SOURCE	Arabidopsis thaliana (chale cress)		
	ORGANISM	Arabidopsis thaliana		
		Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;		
		Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;		
		rosids; eurosids II; Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsi.		
REFERENCE		1 (bases 1 to 1841)		
AUTHORS		Shinn,P., Cheu,H., Cheuk,R., Kim,C.J., Meyers,M.C., Banh,J., Bower,L., Carlinici,P., Chang,B., Dale,J.M., Goldsmith,A.D., Hayashizaki,Y., Ishida,J., Jones,T., Kamliya,A., Karlin-Neumann,G., Kawai,J., Lam,B., Lee,J.M., Lin,J., Miranda,M., Narusaka,M., Nguyen,M., Onodera,C.S., Palm,C.U., Quach,H.L., Sakurai,T., Saitou,M., Seki,M., Southwick,A., Tang,C.C., Tortum,M., Wu,H.C., Yamada,K., Yamamura,Y., Yu,G., Yu,S., Shinozaki,K., Davis,R.W., Theologis,A. and Ecker,J.R.		
TITLE		Arabidopsis cDNA clones		
JOURNAL		Unpublished		
REFERENCE		2 (bases 1 to 1841)		
AUTHORS		Shinn,P., Cheu,H., Cheuk,R., Kim,C.J., Meyers,M.C., Banh,J., Bower,L., Carlinici,P., Chang,B., Dale,J.M., Goldsmith,A.D., Hayashizaki,Y., Ishida,J., Jones,T., Kamliya,A., Karlin-Neumann,G., Kawai,J., Lam,B., Lee,J.M., Lin,J., Miranda,M., Narusaka,M., Nguyen,M., Onodera,C.S., Palm,C.U., Quach,H.L., Sakurai,T., Saitou,M., Seki,M., Southwick,A., Tang,C.C., Tortum,M., Wu,H.C., Yamada,K., Yamamura,Y., Yu,G., Yu,S., Shinozaki,K., Davis,R.W., Theologis,A. and Ecker,J.R.		
TITLE		Direct Submission		
JOURNAL		Submitted (14-JAN-2002) Salk Institute Genomic Analysis Laboratory		
REFERENCE		(Signal), Plant Biology Laboratory, The Salk Institute for Biological Studies, 10010 N. Torrey Pines Road, La Jolla, CA 92037,		
		USA		

COMMENT
RIKEN Genomic Sciences Center (GSC) members carried out the collection and clustering of RAFI cDNAs (RAFI cDNA : 'RIKEN Arabidopsis Full-length cDNA') : Seki, M., Natukasaka, M., Ishida, J., Saitou, M., Kamiya, A., Sakurai, T., Carninci, P., Kawai, J., Hayashizaki, Y., and Shinozaki, K.

The Salk, Stanford, PGSC (SSP) Consortium members carried out the sequencing and annotation of the RAFI cDNAs: Shim, P., Chen, H., Cheuk, R., Kim, C. J., Meyers, M. C., Banh, J., Bowser, L., Chang, E., Dale, J. M., Goldsmith, A. D., Jones, T., Karlin-Neumann, G., Lam, B., Lee, J. M., Lin, Y., Miranda, M., Nguyen, M., Onodera, C. S., Palm, C. J., Quach, H. L., Southwick, A., Tang, C. C., Toriumi, M., Wu, H. C., Yamada, K., Yamamura, Y., Yu, G., Yu, S., Davis, R. W., Theologis, A., and Ecker, J. R.

Shim, P. (SSP/Salk) and Seki, M. (RIKEN GSC) contributed equally to this work. Shinozaki, K. (RIKEN GSC) and Ecker, J. R. (SSP/Salk) contributed equally to this work as PIs.

FEATURES
source
Location/Qualifiers
1. 1841
/organism="Arabidopsis thaliana"
/mol_type="mRNA"
/db_xref="taxon:3702"
/chromosome="3"
/clone="RAF105-17-B01 (R21573)"
/ecotype="Columbia"
1. 122
123. 1622
/notes="proline oxidase, mitochondrial precursor (osmotic stress-induced proline dehydrogenase)."
/codon_start=1
/product="At3g30775/MIF6.16"
/protein_id="At167111.1"
/db_xref="GI:18377849"
/translation="MATRIALRTFIRRSYRLPAFSPVGPETVASTAVBELLSFGQQAAPPELHPKPTQSGHDLSPQARFESSIPSDLSRAVLAAIIGPVVDGTVWMSKELMASVTRMGSDGLGVKSTFYDHCAGEADDAEAERYSVYEAALGKMLVGVREHADVAVSCDNDMCOQFRTITLAAKSLPFSHSSVYKITAICPISLLRVSDILEMEKKSPNPKSWKLSKFPFVPESSPLVTHNSEPEPLTHEERELEAAHGRLOIERKCOEESVPLILDAEDTILQPAIDYMAVSSAIMEADKDRIVNTIQAYLRDGGERHLAAVQNAEKEVNEPGLVIRGAVYSSBASLADSLGCSKVADITVDTHSCYNDGMTFLMEKASNGSGEVALATNADSGRLASRKASDLDIGDKONGKRIEFLQVMSDPLSFLGRAPGNVSKMPFGEVATAIYILRLRAVENGNWATGAHDQLMEMELKRLRIAGIA"
misc_difference
1315
/note="compared to genome"
/replace="t"
1623. 1841
ORIGIN
3' UTR
Query Match 99.6%; Score 1825.2; DB 8; Length 1841;
Best Local Similarity 99.8%; Pred. No. 0;
Matches 1827; Conservative 0; Mismatches 3; Indels 0; Gaps 0;
QY 1 AGCGTTAGAAAAAAGCAGCGATAAAAACGAAACATCAAGCAAAACAAAAAAGAGAA 60
DB 11 AGCGTTAGAAAAAAGCAGCGATAAAAACGAAACATCAAGCAAAACAAAAAAGAGAA 70
QY 61 GAGAAATATTTTTTGTTCGTTTCGTTTCAAAAACAAAACCTTGAATTTATGGCAAC 120
DB 71 GAGAAATATTTTTTGTTCGTTTCGTTTCAAAAACAAAACCTTGAATTTATGGCAAC 130
QY 121 CCGCTCTTCGGAACAACATTATCCGCGCATCTTACCGTTTACCGCTTTTAAACCGCGT 180
DB 131 CCGCTCTTCGGAACAACATTATCCGCGCATCTTACCGTTTACCGCTTTTAAACCGCGT 190
QY 181 GGGTCCTCCCAACCGTGACTGTTCCACCGCGCGTGTCCCGAAGATTCTCTCCTTTGACA 240
DB 191 GGGTCCTCCCAACCGTGACTGTTCCACCGCGCGTGTCCCGAAGATTCTCTCCTTTGACA 250
QY 241 ACAAGACACCGAACAACCTCTTCAACCAACCAAAACCAACCGAGAAATCTCAGATGCTCT 300
DB 251 ACAAGACACCGAACAACCTCTTCAACCAACCAAAACCAACCGAGAAATCTCAGATGCTCT 310

QY	301	CGATCTCTCCCATCAAGCCCGCTTTCTCCCTCATCCCAACCTGATCTCTCCGTTCC	360
Db	311	CGATCTCTCCCATCAAGCCCGCTTTCTCCCTCATCCCAACCTGATCTCTCCGTTCC	370
QY	361	CACCGCCGTGTTCATTCGCGCGCGCATAGTGTCTATGGTCCGACTTAGGGAAGTGGGTAT	420
Db	371	CACCGCCGTGTTCATTCGCGCGCGCATAGTGTCTATGGTCCGACTTAGGGAAGTGGGTAT	430
QY	421	GAGCTCTAACTTATGAGCGCTTCGATACCGCTGGGCATGGTTTTAGGGCTGTGTAAAG	480
Db	431	GAGCTCTAACTTATGAGCGCTTCGATACCGCTGGGCATGGTTTTAGGGCTGTGTAAAG	490
QY	481	TACGTTTATGACCATTTTTGCGCCGGTGAAGATCCGACGCGCTGAGCGGTAG	540
Db	491	TACGTTTATGACCATTTTTGCGCCGGTGAAGATCCGACGCGCTGAGCGGTAG	550
QY	541	AAGCGTTTATGAGGCTACTGCTTAAAGGAGTGGTCTCTATGGCGTCCGAACCGCCGA	600
Db	551	AAGCGTTTATGAGGCTACTGCTTAAAGGAGTGGTCTCTATGGCGTCCGAACCGCCGA	610
QY	601	TGAGCGCTTACTTCTGTGATGATTAATATGCCAACAATTCTTGAACCATTTGAAGCTGCCA	660
Db	611	TGAGCGCTTACTTCTGTGATGATTAATATGCCAACAATTCTTGAACCATTTGAAGCTGCCA	670
QY	661	ATCTTTACCAACATCTCACTTAGCTCAGTGGTGTGTGAAGATTACTGCCATTTGTCCAT	720
Db	671	ATCTTTACCAACATCTCACTTAGCTCAGTGGTGTGTGAAGATTACTGCCATTTGTCCAT	730
QY	721	TAGTCTTCTGAAACGAGTGAAGCATCTGCTGCGGGGAATTCAAATCCGAACCTTCAA	780
Db	731	TAGTCTTCTGAAACGAGTGAAGCATCTGCTGCGGGGAATTCAAATCCGAACCTTCAA	790
QY	781	ACTCTCATGGAAGCTCAATCGTTTTCCGGTTTTCTCCGATCGATCCTCTCTACCAAC	840
Db	791	ACTCTCATGGAAGCTCAATCGTTTTCCGGTTTTCTCCGATCGATCCTCTCTACCAAC	850
QY	841	AAACTCAACACCGGAACCGTTAAACCGGGGAAGAAAGGAGAGCTCCGAAGCATCTCAG	900
Db	851	AAACTCAACACCGGAACCGTTAAACCGGGGAAGAAAGGAGAGCTCCGAAGCATCTCAG	910
QY	901	AAGATTCAGAAATCTGTAGGAAATGCCAAGATCCATGTACATTTGTTGATTGATGC	960
Db	911	AAGATTCAGAAATCTGTAGGAAATGCCAAGATCCATGTACATTTGTTGATTGATGC	970
QY	961	GGAAGACACATCTCCCAACCCGGGATCGATTACATGGCTTATTCATGGGGATCATGTT	1020
Db	971	GGAAGACACATCTCCCAACCCGGGATCGATTACATGGCTTATTCATGGGGATCATGTT	1030
QY	1021	CAATGCTGACAAAGCCGACCAATGTTTTCAACACGATTCAGCGGTACTTGAAGACGC	1080
Db	1031	CAATGCTGACAAAGCCGACCAATGTTTTCAACACGATTCAGCGGTACTTGAAGACGC	1090
QY	1081	CGGTGAGAGCATCTTTGGGCGATCAAAATGCTGAGAAAGAAATGTTCTTATGGGGTT	1140
Db	1091	CGGTGAGAGCATCTTTGGGCGATCAAAATGCTGAGAAAGAAATGTTCTTATGGGGTT	1150
QY	1141	CAAGTTGATGAGAGGGGCTTACATGTCTAGCGAAGTGTGGCGGATTCCTTGGGTTG	1200
Db	1151	CAAGTTGATGAGAGGGGCTTACATGTCTAGCGAAGTGTGGCGGATTCCTTGGGTTG	1210
QY	1201	CAAGTCGCGCAGTCCACGACACAATTCAGAGATCTCACTCTTGTTCAATATGATGATAC	1260
Db	1211	CAAGTCGCGCAGTCCACGACACAATTCAGAGATCTCACTCTTGTTCAATATGATGATAC	1270
QY	1261	ATTCTGTATGAGAAAGCATCAACGCTTCTGCTTGGGTGCTTCTCGCAACATPA	1320
Db	1271	ATTCTGTATGAGAAAGCATCAACGCTTCTGCTTGGGTGCTTCTCGCAACATPA	1330
QY	1321	CGCTGATTCGGGGGACATTTGGCTCGAGGAAAGCGATCACTCCGGGATCGATPAACAGA	1380
Db	1331	CGCTGATTCGGGGGACATTTGGCTCGAGGAAAGCGATCACTCCGGGATCGATPAACAGA	1390
QY	1381	CGGGAAGATAGAGTTTGCAACAGCTATATGATATGTCAGATGCATTTGCTTCGGGTTAA	1440

Db	1391	CGGGAAGATGAGTTTGCAACGCTATATGGTATGTCAATGCATTTGCTTCGGGTTAAA	1450
Qy	1441	GAGAGCAGGGTTCAATGTTAGCAAGTACATCCGTTTGGACCGGTGCGCAACCGCTATAAC	1500
Db	1451	GAGAGCAGGGTTCAATGTTAGCAAGTACATCCGTTTGGACCGGTGCGCAACCGCTATAC	1510
Qy	1501	GTATCTTCTCCGACCGGCTTATAGAACCCGGGGAAATGATGGCCACCGGAGCTCATGACCG	1560
Db	1511	GTATCTTCTCCGACCGGCTTATAGAACCCGGGGAAATGATGGCCACCGGAGCTCATGACCG	1570
Qy	1561	TCAACTCATGAGATGAGAACTTAGAGAGATTAATGCCCGGGATGCGTAAAGAGAG	1620
Db	1571	TCAACTCATGAGATGAGAACTTAGAGAGATTAATGCCCGGGATGCGTAAAGAGAG	1630
Qy	1621	TATGAGCCATTAATAGAAATGGGAATGATAGTGAATTAATTTCTTCTATGATGTTA	1680
Db	1631	TATGAGCCATTAATAGAAATGGGAATGATAGTGAATTAATTTCTTCTATGATGTTA	1690
Qy	1681	AGAAATTGAAACAAAATAATTATATATATTAAGAAATGAGATGAGTATAGAACATTTCTGTGT	1740
Db	1691	AGAAATTGAAACAAAATAATTATATATATTAAGAAATGAGATGAGTATAGAACATTTCTGTGT	1750
Qy	1741	GCTAAATATTTTTCATAGGGAATATGTTTTTACTATGATATATCAATTGCATAAATGAT	1800
Db	1751	GCTAAATATTTTTCATAGGGAATATGTTTTTACTATGATATATCAATTGCATAAATGAT	1810
Qy	1801	ATTCACTTATCAATAAAATGCTTTTAC	1850
Db	1811	ATTCACTTATCAATAAAATGCTTTTAC	1860

RESULT 3	AF428306	AF428306	1854 bp	mRNA	linear	PLN 18-OCT-2001
LOCUS						
DEFINITION	Arabidopsis thaliana	At3g0757/MIF6.16	mRNA, complete cds.			
ACCESSION	AF428306					
VERSION	AF428306.1	GI:16226334				
KEYWORDS	FLICDN.					
SOURCE	Arabidopsis thaliana					
ORGANISM	Arabidopsis thaliana					

REFERENCE
AUTHORS

1 (bases 1 to 1854)
Cheuk, R., Chen, H., Kim, C. J., Koesema, E., Meyers, M. C., Barn, J.,
Bosser, L., Carninci, P., Dale, J. M., Goldsmith, A. D., Hayashizaki, Y.,
Ishida, J., Jiang, P. X., Jones, T., Kamiya, A., Karlin-Neuman, G.,
Kawai, J., Lam, B., Lee, J. M., Lin, J., Liu, S. X., Miranda, M.,
Narusaka, M., Nguyen, M., Onodera, C. S., Palm, C. J., Pham, P. K.,
Quach, H. L., Sakurai, T., Satou, M., Seki, M., Southwick, A., Tang, C. C.,
Totitani, M., Yamada, K., Yamamura, Y., Yu, G., Yu, S., Shinozaki, K.,
Davis, R. W., Theologis, A. and Ecker, J. R.

TITLE
JOURNAL

Arabidopsis cDNA clones
unpublished
2 (bases 1 to 1854)
Cheuk, R., Chen, H., Kim, C. J., Koesema, E., Meyers, M. C., Barn, J.,

TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (03-OCT-2001) Salk Institute Genomic Analysis Laboratory

RIKEN Genomic Sciences Center (GSC) members carried out the collection and clustering of RAVL cDNAs (RAVL cDNA: 'RIKEN Arabidopsis Full-Length cDNA'): Seki, M., Narusaka, M., Ishida, J., Saitou, M., Kamiya, A., Sakurai, T., Carmignoli, P., Kawai, J.,

Hayashizaki, Y. and Shinozaki, K.

The Salik, Stanford, PSEC (SSP) Consortium members carried out the sequencing and annotation of the RAPL CDNA: Cheuk, R., Chen, H., Kim, C.J., Koesema, B., Meyers, M.C., Shum, P., Bah, J., Bower, L., Dale, J.M., Goldsmith, A.D., Jiang, P.X., Jones, T., Karlin-Neumann, G., Lam, B., Lee, J.M., Lin, J., Liu, S.X., Miranda, M., Nguyen, M., Omodera, C.S., Palm, C.J., Pham, P.K., Quach, H.L., Southwick, A., Tang, C.C., Toriumi, M., Yamada, K., Yamamura, Y., Yu, G., Yu, S., Davis, R.W., Theologis, A., and Becker, J.R.

Cheuk, R. (SSP/Salik) and Seki, M. (RIKEN GSC) contributed equally to this work. Shinozaki, K. (RIKEN GSC) and Becker, J.R. (SSP/Salik) contributed equally to this work as PI.

FEATURES

SOURCE

Location/Qualifiers

1. 1854

/organism="Arabidopsis thaliana"

/mol_type="mRNA"

/db_xref="taxon:3702"

/chromosome="3"

/clone="RAF109-69-M18 (R14839)"

/ecotype="Columbia"

CDS

124..1623

/note="proline oxidase, mitochondrial precursor (osmotic stress-induced proline dehydrogenase)"

/codon_start=1

/product="At3g30775/MIF6.16"

/protein_id="At16138.1"

/db_xref="GI:16226335"

/translation="MARTLLRTNFRSVYLPAPVGPPTVTAHYVPELISFQO APEPLHHPKTEQSHDGLSDQARLFSSTPISDLRTAVLHAATGPMVDLWV MSLKMDASVTRGVNLGVKSTYDHCACEDDAEAERVSYEATGDKMLVGEV HADDAVSCDNMOOFRTIEPAKSLPESHSSVAVKTIACPSILKRVSLDLYEYK SPYKSLSKLSPVSESPPLVHTNSPEPLTAERELHAGRIQIEICKQESN VPLIDEDETLLOPAIDYMAVSAIMENADKRPVYNTIOAVLRAGRLKAVONA EKENVPGLVIGAVMSSEALASIDIGCKSPYHDTIOHTSCYNDCTFLMKASNG SFGVYATATNADSGRLASRKSADIGIDKONGRIEERQLYGMSDALRELRAGRVIS KIMPRPVATAIYILRRAYENRGMATGAHDRLMELEKRLINGIA"

misc_difference

1357

/note="compared to genome"

/replace="a"

ORIGIN

Query Match 99.2%; Score 1818.4; DB 8; Length 1854;

Best Local Similarity 99.7%; Pred. No. 0;

Matches 1822; Conservative 0; Mismatches 6; Indels 0; Gaps 0;

```

QY 5 TTTAGAAAAAAGCAGATATAAACCAGATCAAGCAAAACAAAAAAGAGAAGA 64
DB 16 TTGAAAAAAGCAGATATAAACCAGATCAAGCAAAACAAAAAAGAGAAGA 75
QY 65 AATTATTTTTTTTGTGTTTGTTCAAAAAAGAAATCTTGAATTTATGCAACCGT 124
DB 76 AATTATTTTTTTTGTGTTTGTTCAAAAAAGAAATCTTGAATTTATGCAACCGT 135
QY 125 CTTCTCCGAACAACTTTATCCGGCATCTTACCGTTTACCGCTTTGACCGGAGGT 184
DB 136 CTTCTCCGAACAACTTTATCCGGCATCTTACCGTTTACCGCTTTGACCGGAGGT 195
QY 185 CTTCTCCGAACCTGTTTCAACCGCGTGTCTCCGAGATCTTCTCTTTGACAA 244
DB 196 CTTCTCCGAACCTGTTTCAACCGCGTGTCTCCGAGATCTTCTCTTTGACAA 255
QY 245 GACACCGAAGCACTCTTCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCA 304
DB 256 GACACCGAAGCACTCTTCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCA 315
QY 305 CTTCTCCGATCAAGCGCTTTTCTCTCTATCCAACTCTGATCTCTCCGTTCA 364
DB 316 CTTCTCCGATCAAGCGCTTTTCTCTCTATCCAACTCTGATCTCTCCGTTCA 375
QY 365 GCGGTGTGATGCGGCGGAGATGCTTATGATGAGCACTAGGACGTGGTCA 424

```

```

DB 376 GCGGTGTGATGCGGCGGAGATGCTTATGATGAGCACTAGGACGTGGTCA 435
QY 425 TCTAACTTATGACGCTTCGATGACCGGTGCAATGTTTATGAGCTTTGAAAA 484
DB 436 TCTAACTTATGACGCTTCGATGACCGGTGCAATGTTTATGAGCTTTGAAAA 495
QY 485 TTTTATGACCAATTTTGGCGCGTGAATACCGACGAGCGGTGAGCGGTGA 544
DB 496 TTTTATGACCAATTTTGGCGCGTGAATACCGACGAGCGGTGAGCGGTGA 555
QY 545 GTTTATGAGCTACTGATCTTAAAGGATGCTGTATGAGCTGGAACACCGCA 604
DB 556 GTTTATGAGCTACTGATCTTAAAGGATGCTGTATGAGCTGGAACACCGCA 615
QY 605 GCTGATCTTGTGATGATTAATGACCAATTTCAATTTGAACATTTGACCA 664
DB 616 GCTGATCTTGTGATGATTAATGACCAATTTCAATTTGAACATTTGACCA 675
QY 665 TTACCAATCTCACTTTAGCTCAAGTGTGGAAGATTAAGCAATTTGCAATT 724
DB 676 TTACCAATCTCACTTTAGCTCAAGTGTGGAAGATTAAGCAATTTGCAATT 735
QY 725 CTTCTGAAACGATGACGATCTGCTGCGGTGGGAATCAAAAGTCCGAAT 784
DB 736 CTTCTGAAACGATGACGATCTGCTGCGGTGGGAATCAAAAGTCCGAAT 795
QY 785 TCATGGAAGCTCAATCGTTCCGATTTCCGAAATGAGTCTCTACACACAAC 844
DB 796 TCATGGAAGCTCAATCGTTCCGATTTCCGAAATGAGTCTCTACACACAAC 855
QY 845 TCAGAAACGGAACCGTTTACCGCGGAAGAAAGAGAGCTGAGAGAGCTCAT 904
DB 856 TCAGAAACGGAACCGTTTACCGCGGAAGAAAGAGAGCTGAGAGAGCTCAT 915
QY 905 ATTCAAGAAATCTGAGAAATGCAAGATCAATGACATTTGATTTGATGAG 964
DB 916 ATTCAAGAAATCTGAGAAATGCAAGATCAATGACATTTGATTTGATGAG 975
QY 965 GACACAACTCTCAACCGCGATGATTTACATGAGCTTATTCATGCGGATCAT 1024
DB 976 GACACAACTCTCAACCGCGATGATTTACATGAGCTTATTCATGCGGATCAT 1035
QY 1025 GCTGACAAAGACGACCAATGTTTACCAACGATTCAGGCTTCTGAGAGAG 1084
DB 1036 GCTGACAAAGACGACCAATGTTTACCAACGATTCAGGCTTCTGAGAGAG 1095
QY 1085 GAGAGACTGCAATTTGCGAGTCAAAATGCTGAGAAAGAAATGTTCTAT 1144
DB 1096 GAGAGACTGCAATTTGCGAGTCAAAATGCTGAGAAAGAAATGTTCTAT 1155
QY 1145 TTGATGAGAGGCGTTTACATGTTAGAGAACTGTTGCGGATTCCTGAG 1204
DB 1156 TTGATGAGAGGCGTTTACATGTTAGAGAACTGTTGCGGATTCCTGAG 1215
QY 1205 TCGCAGTCCACGACCAATTCAGATATCACTCTGTTTACATGATGATGAC 1264
DB 1216 TCGCAGTCCACGACCAATTCAGATATCACTCTGTTTACATGATGATGAC 1275
QY 1285 CTGATGAGAAAGCAATCAACGTTTCTGTTTCTGTTTCTGTTTCTGAC 1324
DB 1276 CTGATGAGAAAGCAATCAACGTTTCTGTTTCTGTTTCTGTTTCTGAC 1335
QY 1335 GATTGCGGAGGACCTTGGTGAAGAAAGCGAGTCACTCGGATCGATTAAC 1384
DB 1336 GATTGCGGAGGACCTTGGTGAAGAAAGCGAGTCACTCGGATCGATTAAC 1395
QY 1385 AAGATAGATTGCAACAGTATATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1444
DB 1396 AAGATAGATTGCAACAGTATATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1455
QY 1445 GCAAGGTTCAATGTTTACAGATATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1504
DB 1456 GCAAGGTTCAATGTTTACAGATATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1515

```

QY 1505 CTTCTCCGACGGCTTATGAGAACCGGGAATGATGCGCACCGGAGCTCATGACCGGCAA 1564
 DB 1516 CTTCTCCGACGGCTTATGAGAACCGGGAATGATGCGCACCGGAGCTCATGACCGGCAA 1575
 QY 1565 CTCAATGAGAGTGAACCTTAAGAGAGATTAATTCGCGGGAATTCGTAAGAGAGATG 1624
 DB 1576 CTCAATGAGAGTGAACCTTAAGAGAGATTAATTCGCGGGAATTCGTAAGAGAGATG 1635
 QY 1625 GAGCATTAAATGAAATTTGGGAAATGTAAGATTAATTTCTCTATGATGATTAAGAA 1684
 DB 1636 GAGCATTAAATGAAATTTGGGAAATGTAAGATTAATTTCTCTATGATGATTAAGAA 1695
 QY 1685 ATTGAAAACAAAATTAATTAATTAAGAGATGAGATGAGATTAAGAACATTTCTGCGCTA 1744
 DB 1696 ATTGAAAACAAAATTAATTAATTAAGAGATGAGATGAGATTAAGAACATTTCTGCGCTA 1755
 QY 1745 AATATTTTCAATGAGGAGCTATGTTTCTATCAATATATCATTCACAAATGATATTC 1804
 DB 1756 AATATTTTCAATGAGGAGCTATGTTTCTATCAATATATCATTCACAAATGATATTC 1815
 QY 1805 ACCATTCAATTAATGCTTTTACTT 1832
 DB 1816 ACCATTCAATTAATGCTTTTACTT 1843

RESULT 4

ATPOX 1855 bp mRNA linear PLN 10-SEP-1996
 LOCUS A.thaliana mRNA for proline oxidase.
 DEFINITION X97075
 ACCESSION X97075.1 GI:1531759

KEYWORDS
 pro gene; proline oxidase.
 ORGANISM
 Arabidopsis thaliana (thale cress)
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
 rosids; eurosids II; Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsis.

REFERENCE
 1 Verbruggen, N., Hua, X.J., May, M. and Van Montagu, M.
 Environmental and developmental signals modulate proline
 homeostasis: evidence for a negative transcriptional regulator
 Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 93 (16), 8787-8791 (1996)
 JOURNAL
 MEDLINE
 PUBMED
 8710950
 REFERENCE
 2 (bases 1 to 1855)
 Hua, X.
 Direct Submission
 Submitted (22-MAR-1996) X. Hua, Lab of Genetic, Faculty of Science,
 Gent University, K. L. Ledeganckestraat, 35, B-9000, Gent, Belgium
 JOURNAL
 TITLE
 Location/Qualifiers
 1. 1855
 /organism="Arabidopsis thaliana"
 /mol_type="mRNA"
 /culti_var="columbia"
 /db_xref="taxon:3702"
 /chromosome="3"
 /cissue_type="root"
 /clone_lib="lambda zap"
 /dev_stage="adult"
 1. 1855
 /gene="pox"
 122. 1621
 /gene="pox"
 /product="proline oxidase"
 /protein_id="CA65783.1"
 /db_xref="GI:1531760"
 /db_xref="GOA:P92983"
 /db_xref="SWISS-PROT:P92983"
 /translation="MATRLRTNFRSRYLPAPSPVPTVASTAVVBEILSFQO
 APEPLHPKTEQSHDGLDQARLSSIPSTDLRSTAVLHAAPIGMDLGTW
 MSKLMASVTRGVTLGLVKSTFYDFHFCAGEDADAAERVRSYVEATGLGMVYGYE

HADDAVSGDDNNQOFIRITFEAKSLPTSHFSVVYKITAICPISLKRVDLREYK
 SPNPLTSKRLKSEFPESSPLHYNNSPEPLTAEERLEAAAGRIQEIQRKQSEN
 VPLIDADPTLOAPIDYMASSAIMRPAEDRPIVYNTIOAYLRDGERLHAYONA
 EXENVPMFVKIVRGATYNSSEASLDSVGCKSPYHDTTODTSCYNDCKTFIMETASNG
 SGFVGLTTHNADSGRLASRASDGLDKQNGKLEFQOLYMSDLSGLGRAPFNVS
 KYMPEPVATTAIPYLRLRAYENRMMAAGADROLMRLEKRLIAGIA"
 122. 170
 /gene="pox"
 /note="mitochondrial"
 171. 1618
 /gene="pox"

Query Match 99.2%; Score 1817.8; DB 8; Length 1855;
 Best Local Similarity 99.6%; Pred. No. 0;
 Matches 1852; Conservative 0; Mismatches 7; Indels 0; Gaps 0;

QY 5 TTTAGAAAAAACACCGATTAATCCGAAACATCAAGCAAAACAAAAAGAGAGA 64
 DB 14 TTAGAAAAAACACCGATTAATCCGAAACATCAAGCAAAACAAAAAGAGAGA 73
 QY 65 AATATTTTCTGTTTCTGTTTCAAAAACAAATCTTGAATTTATGCAACCGT 124
 DB 74 AATATTTTCTGTTTCTGTTTCAAAAACAAATCTTGAATTTATGCAACCGT 133
 QY 125 CTTCTCCGACCAACTTTATCCGGGATCTTAACGTTTACCCGCTTTAGCCGCTG 184
 DB 134 CTTCTCCGACCAACTTTATCCGGGATCTTAACGTTTACCCGCTTTAGCCGCTG 193
 QY 185 CTTCCCAACGATGCTGCTTCCACCGCGCGGAGATTTCTCTCTTGAACAACA 244
 DB 194 CTTCCCAACGATGCTGCTTCCACCGCGCGGAGATTTCTCTCTTGAACAACA 253
 QY 245 GACCGGAAACCACTTTCACCAACCAACCAACCAACCAACCAATCTACGATGCTCAT 304
 DB 254 GACCGGAAACCACTTTCACCAACCAACCAACCAACCAACCAATCTACGATGCTCAT 313
 QY 305 CTTCTCCGACCAAGCGGCTTTCTCTCTATCCCACTCTGATCTCTCGTTCCAC 364
 DB 314 CTTCTCCGACCAAGCGGCTTTCTCTCTATCCCACTCTGATCTCTCGTTCCAC 373
 QY 365 GCGGTGTGATGCGGCGGCGATAGTCTTATGTCAGCTTAGGAGCGTGGTCAAGC 424
 DB 374 GCGGTGTGATGCGGCGGCGATAGTCTTATGTCAGCTTAGGAGCGTGGTCAAGC 433
 QY 425 TCTTAACCTTAGAGCGCTTGGTGAACGCGGTGCAAGCTTTAGGCTTGAAAGTAC 484
 DB 434 TCTTAACCTTAGAGCGCTTGGTGAACGCGGTGCAAGCTTTAGGCTTGAAAGTAC 493
 QY 485 TTTATGACCATTTTGGCGCGGTGAAGATGCGGACGCGGTGAAGCGGTGAAGC 544
 DB 494 TTTATGACCATTTTGGCGCGGTGAAGATGCGGACGCGGTGAAGCGGTGAAGC 553
 QY 545 GTTTATGAGCTACGTGCTTAAAGGATGCTTGTCTATGCGCTGAAACAGCGCATAC 604
 DB 554 GTTTATGAGCTACGTGCTTAAAGGATGCTTGTCTATGCGCTGAAACAGCGCATAC 613
 QY 605 GCTGATCTTGTGATGATACATGCAACATTCATTCGACCATTTGAAGTCCAAATCT 664
 DB 614 GCTGATCTTGTGATGATACATGCAACATTCATTCGACCATTTGAAGTCCAAATCT 673
 QY 665 TTACCAACATCTCACTTTAGCTCACTGCTTGAAGATTAATGCTGCTTGAATTTGT 724
 DB 674 TTACCAACATCTCACTTTAGCTCACTGCTTGAAGATTAATGCTGCTTGAATTTGT 733
 QY 725 CTTCTGAAACGATGAGGATCTGCTGGGAGGAAATCAAAAGTCCAACTTCAATCTC 784
 DB 734 CTTCTGAAACGATGAGGATCTGCTGGGAGGAAATCAAAAGTCCAACTTCAATCTC 793
 QY 785 TCATGAAAGCTCAATCGTTTCGCTTTCCTGATGAGTCTCTTACCAACAAC 844
 DB 794 TCATGAAAGCTCAATCGTTTCGCTTTCCTGATGAGTCTCTTACCAACAAC 853

QY 845 TCAGAACCGGACCGTTAACCGCGGAGAGAAAGGAGCTCGAAGCAGCTCATGGAAG 904
 DB 854 TCAGAACCGGACCGTTAACCGCGGAGAGAAAGGAGCTCGAAGCAGCTCATGGAAG 913
 QY 905 ATTCAAGAAATCTGTGAGAAATGCCAAGATCCATGTAACAATTGTGATGATGCGGA 964
 DB 914 ATTCAAGAAATCTGTGAGAAATGCCAAGATCCATGTAACAATTGTGATGATGCGGA 973
 QY 965 GACACATCTCTCAACCCCGGATCCGATTAACGCTTATTAATCGGCGATCATGTTCAAT 1024
 DB 974 GACACATCTCTCAACCCCGGATCCGATTAACGCTTATTAATCGGCGATCATGTTCAAT 1033
 QY 1025 GCTGACAAAGACCGACCAATCTGTTTCAACACGATTCAGGCGTACTTGTGAGAGACCGG 1084
 DB 1034 GCTGACAAAGACCGACCAATCTGTTTCAACACGATTCAGGCGTACTTGTGAGAGACCGG 1093
 QY 1085 GAGAGCTGCTATTGGCAATCAAAATGCTGAGAAAGAGATGTTCTATGCGGTTCAAG 1144
 DB 1094 GAGAGCTGCTATTGGCAATCAAAATGCTGAGAAAGAGATGTTCTATGCGGTTCAAG 1153
 QY 1145 TTGGTGAAGGAGGCTTACATGCTTACGAAAGCTGAGGCTGCTGCGGTTGCAAG 1204
 DB 1154 TTGGTGAAGGAGGCTTACATGCTTACGAAAGCTGAGGCTGCTGCGGTTGCAAG 1213
 QY 1205 TCGCCAGTCCAGACACAAATTCAGAGTACTCATCTTGTTCATGATGATGATGATG 1264
 DB 1214 TCGCCAGTCCAGACACAAATTCAGAGTACTCATCTTGTTCATGATGATGATGATG 1273
 QY 1265 CTGATGAGAAAGACAAACGCTTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1324
 DB 1274 CTGATGAGAAAGACAAACGCTTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1333
 QY 1325 GATTGCGGAGACCTGCTGCGAGAAAGGAGTGAACCTCGGATCGATTAACAGACGCG 1384
 DB 1334 GATTGCGGAGACCTGCTGCGAGAAAGGAGTGAACCTCGGATCGATTAACAGACGCG 1393
 QY 1385 AAGATGATGTTGCAACGATATATGTATGTATGATGATGATGATGATGATGATG 1444
 DB 1394 AAGATGATGTTGCAACGATATATGTATGTATGATGATGATGATGATGATGATG 1453
 QY 1445 GCAGGCTTCATGTTAGCAAGTACATGCGCTTGGACCGCTGCAACCGCTATACCGTAT 1504
 DB 1454 GCAGGCTTCATGTTAGCAAGTACATGCGCTTGGACCGCTGCAACCGCTATACCGTAT 1513
 QY 1505 CTCTTCGCAACGCTTATGAGAACCGGAGATGATGCGCAACCGAGCTCATGACCGTCAA 1564
 DB 1514 CTCTTCGCAACGCTTATGAGAACCGGAGATGATGCGCAACCGAGCTCATGACCGTCAA 1573
 QY 1565 CTCTTCGCAACGCTTATGAGAACCGGAGATGATGCGCAACCGAGCTCATGACCGTCAA 1624
 DB 1574 CTCTTCGCAACGCTTATGAGAACCGGAGATGATGCGCAACCGAGCTCATGACCGTCAA 1633
 QY 1625 GAGCCATTAATGAATGGAAATGTAGATGAATTAATTTCTTATGATGATGATGATG 1684
 DB 1634 GAGCCATTAATGAATGGAAATGTAGATGAATTAATTTCTTATGATGATGATGATG 1693
 QY 1685 ATTGAAAGAAATTTATATATATGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1744
 DB 1694 ATTGAAAGAAATTTATATATATGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1753
 QY 1745 AATATTTTTCATGAGGAGCTATGTTTATCTATCAATATATATCAACAATGATATATC 1804
 DB 1754 AATATTTTTCATGAGGAGCTATGTTTATCTATCAATATATATCAACAATGATATATC 1813
 QY 1805 ACCTATATCAATTAATGCTTTTACTTT 1833
 DB 1814 ACCTATATCAATTAATGCTTTTACTTT 1842

RESULT 5
 ATTU59508 1745 bp mRNA linear PLN 14-JAN-1997
 LOCUS Arabidopsis thaliana osmotic stress-induced proline dehydrogenase
 DEFINITION

(prol) mRNA, complete cds.
 US9508
 US9508.1 GI:1778014
 ACCESSION
 VERSION
 KEYWORDS
 SOURCE
 ORGANISM
 Arabidopsis thaliana (thale cress)
 Arabidopsis thaliana
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliopsida; eudicotyledons; core eudicots;
 rosids; eurosoid II; Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsis.
 1 (bases 1 to 1745)
 Peng, Z. and Verma, D.P.S.
 REFERENCE
 AUTHORS
 TITLE
 JOURNAL
 Direct Submission
 Submitted (30-MAY-1996) Plant Biotechnology, Ohio State University,
 1060 Carmack Road, Columbus, OH 43210, USA
 FEATURES
 Source
 1..1745
 /organism="Arabidopsis thaliana"
 /mol_type="mRNA"
 /strain="ecotype Columbia"
 /db_xref="taxon:3702"
 1..1745
 /gene="Prol"
 85..1584
 /gene="Prol"
 /EC_number="1.5.99.8"
 /note="proline oxidase"
 /codon_start=1
 /product="osmotic stress-induced proline dehydrogenase"
 /protein_id="AB040615.1"
 /db_xref="GI:1778015"
 /translation="MATRLRLNFIIRSRYPSPVGPPTVSTAVPEILSRQO
 ATEPPLQHPPEQSHDGLSDQALFESIFSLDRLSTAVLAALIPMDLIGTV
 MSKLDASVTRGMVGLVKSFTYDFHCGEDADAEVRVYEATGKGLVYGE
 HADDAVCDNMNOQFRTIEBAKSLPTSRSSVYVYTAICPISLIRKSDILREYK
 SPWFKLSTKLCSPVSESPVLRHNSPEPPTAEBERLEBAHRIQICCKQESN
 VPLIDREDTIIIPALDIYASIALIENADKRPVNTIOLYLRAGRLHAYONA
 EKNVWGRKLVRGATSSBASLADSGKSPVHDTIQTHSCYNDQMTFLKESNG
 SGFVVLAITHADSGRLASRKASDLGIDKQNKIEPAQLYGMSDLSFELKAGRVNS
 KMPFQPVATAIPLYLRAYENRGMPTGAHROLMFELKRLIAGIA"

ORIGIN

Query Match 94.0%; Score 1722.8; DB 8; Length 1745;
 Best Local Similarity 99.5%; Pred. No. 0;
 Matches 1738; Conservative 0; Mismatches 7; Indels 1; Gaps 1;
 QY 29 CGAAGATCAGCAACCAAAAAAAAAAGAGAGAAATATTTTGTGTTGGTT 88
 DB 1 CGAAGATCAGCAACCAAAAAAAAAAGAGAGAAATATTTTGTGTTGGTT 60
 QY 89 TCAAAAACAAATCTTGAATTTATGCAACCGCTTCTCGAAACAACTTATCCG 148
 DB 61 TCAAAAACAAATCTTGAATTTATGCAACCGCTTCTCGAAACAACTTATCCG 120
 QY 149 CGATCTTACCGTTTACCGGCTTTAGCCCGGAGGCTCCCAACCGTACTGCTTAC 208
 DB 121 CGATCTTACCGTTTACCGGCTTTAGCCCGGAGGCTCCCAACCGTACTGCTTAC 180
 QY 209 GCCGTCGTCGCGAGATTCCTCTTGGACAACAGCAGGAAACCTCTTCAAC 268
 DB 181 GCCGTCGTCGCGAGATTCCTCTTGGACAACAGCAGGAAACCTCTTCAAC 240
 QY 269 CGAAGACCAACGAGAACTCAACGATGCTCGATCTCCGATCAACCGGCTTTC 328
 DB 241 CGAAGACCAACGAGAACTCAACGATGCTCGATCTCCGATCAACCGGCTTTC 300
 QY 329 TCTCTATCCCAACCTCTGATCTCTCGTTCAACCGCGTGTGATGCGGCGGATA 388
 DB 301 TCTCTATCCCAACCTCTGATCTCTCGTTCAACCGCGTGTGATGCGGCGGATA 360
 QY 389 GGTCTATGCTGACCTATGAGAGCGGTGATGAGCTTAACTTATGAGACGCTTCG 448
 DB 361 GGTCTATGCTGACCTATGAGAGCGGTGATGAGCTTAACTTATGAGACGCTTCG 420

QY	473	GTGAAGAGACGTTTATGACCATTTTGGCCGGGTGAAGATGCGACGCGCGCTGAG	532
Db	361	GTGAAGAGACGTTTATGACCATTTTGGCCGGGTGAAGATGCGACGCGCGCTGAG	420
QY	533	CGCGTGAAGACCGTTTATGAACTACTGCTTAAAGGAGTGTGTCTATGAGCTCGAA	592
Db	421	CGCGTGAAGACCGTTTATGAACTACTGCTTAAAGGAGTGTGTCTATGAGCTCGAA	480
QY	593	CACGCCCATGACGCGTATCTTGTGATGATTAACATGCAACAATTCAATCCAGCATTGAA	652
Db	481	CACGCCCATGACGCGTATCTTGTGATGATTAACATGCAACAATTCAATCCAGCATTGAA	540
QY	653	GCTGCGCAATCTTTACCAACATCTCACTTATGCTCAGTGGCTTGTGAAGATTAACCATT	712
Db	541	GCTGCGCAATCTTTACCAACATCTCACTTATGCTCAGTGGCTTGTGAAGATTAACCATT	600
QY	713	TGTCCATTAAGTCTTTGAAACGAGTGAAGCATCTGCTGCGGTGGGAATCAAAAGTCCG	772
Db	601	TGTCCATTAAGTCTTTGAAACGAGTGAAGCATCTGCTGCGGTGGGAATCAAAAGTCCG	660
QY	773	AACTTCAAACTCTCATGGAAGCTCAAACTCGTTTCGCGTTTCTCGCAATCAGTCTCTC	832
Db	661	AACTTCAAACTCTCATGGAAGCTCAAACTCGTTTCTCGCAATCAGTCTCTC	720
QY	833	TACCAACAATCTCAGAACCGGAACCGTTAACCGCGAAGAAAGGAAGGAGCTCGAAGCA	892
Db	721	TACCAACAATCTCAGAACCGGAACCGTTAACCGCGAAGAAAGGAAGGAGCTCGAAGCA	780
QY	893	GCTCATGGAAGATTCAGAAATCTGTATGAAATGCCAAGAGTCAATGTACATTTGTTG	952
Db	781	GCTCATGGAAGATTCAGAAATCTGTATGAAATGCCAAGAGTCAATGTACATTTGTTG	840
QY	953	ATTGATGCGAAGACACATCTCCCAACCCGCGATCGATTACATGACTTATTCACGCG	1012
Db	841	ATTGATGCGAAGACACATCTCCCAACCCGCGATCGATTACATGACTTATTCACGCG	900
QY	1013	ATCATGTTTCATGCTGACAAAGACCGACCAATCGTTTCAACAAGATTCAAGCGCTACTTG	1072
Db	901	ATCATGTTTCATGCTGACAAAGACCGACCAATCGTTTCAACAAGATTCAAGCGCTACTTG	960
QY	1073	AGAGACGCGCGTGAAGACCTCATTTGGCAGTCAAAATGCTGGAAGAAAGAAATGTTCT	1132
Db	961	AGAGACGCGCGTGAAGACCTCATTTGGCAGTCAAAATGCTGGAAGAAAGAAATGTTCT	1020
QY	1133	ATGGGCTTCAAGTTGCTGAGAGGGGCTTACATGCTTACCGAAAGTACTTGGCGGATTC	1192
Db	1021	ATGGGCTTCAAGTTGCTGAGAGGGGCTTACATGCTTACCGAAAGTACTTGGCGGATTC	1080
QY	1193	CTGGGTTCAAGTCCGACAGTCCACGACACAATTCAGAAATCTCACTCTTGTTCAGATAT	1252
Db	1081	CTGGGTTCAAGTCCGACAGTCCACGACACAATTCAGAAATCTCACTCTTGTTCAGATAT	1140
QY	1253	TGTATGACATTCCTGATGGAAGAACATCAACGGTCTGCTTTCGCTGCTTCGCA	1312
Db	1141	TGTATGACATTCCTGATGGAAGAACATCAACGGTCTGCTTTCGCTGCTTCGCA	1200
QY	1313	AACAATAAGCTGATTCGGGGAGATTGCGTGAAGAAAGGAGTGAAGCTCGGATGAT	1372
Db	1201	AACAATAAGCTGATTCGGGGAGATTGCGTGAAGAAAGGAGTGAAGCTCGGATGAT	1260
QY	1373	AAACAGAACGGGAAGATAGAGTTTGCACAGCTATATGATATGTGCATGCAATGTCCTTC	1432
Db	1261	AAACAGAACGGGAAGATAGAGTTTGCACAGCTATATGATATGTGCATGCAATGTCCTTC	1320
QY	1433	GGGTTAAAGAGACGGGGTTCAATGTAAGCAAGTCAATGCGTTTGAACCGGTCCGAACC	1492
Db	1321	GGGTTAAAGAGACGGGGTTCAATGTAAGCAAGTCAATGCGTTTGAACCGGTCCGAACC	1380
QY	1493	GCTATACCGTATCTTCTCCGACGCGCTTATGAAACCGGGATATGATGCGCACCGGAGCT	1552
Db	1381	GCTATACCGTATCTTCTCCGACGCGCTTATGAAACCGGGATATGATGCGCACCGGAGCT	1440
QY	1553	CATGACCGTCAACATATGAGATGGAACCTTAAAGAGAAATTAATGCGCGGAGTTGCGTAA	1612

Db	1441	CATACCGTCAACTCATTGAGGATGGAACTTTAAGAGGAGATTAAATCCGCGGATTGCGTAA	1500
RESULT 7	AX506716	1461 bp	Linear
LOCUS	AX506716	Sequence 1411 from Patent WO0216655.	PAT 27-SEP-2002
DEFINITION	AX506716		
ACCESSION	AX506716.1	GI:2387953	
KEYWORDS			
SOURCE			
ORGANISM	Arabidopsis thaliana (thale cress)		
AUTHORS	Arabidopsis thaliana		
TITLE	Eukaryota, Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophytes; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots; rosid; eurosids II; Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsis.		
REFERENCE	1 Harper, J.F., Kreps, J., Wang, X. and Zhu, T.		
JOURNAL	Stress-regulated genes of plants, transgenic plants containing same, and methods of use		
	Patent: WO 0216655-A 1411 28-FEB-2002;		
	The Scripps Research Institute (US) ; Syngenta Participations AG (Ch)		
FEATURES	Location/Qualifiers		
source	1..1461	/organism="Arabidopsis thaliana"	
		/mol_type="unassigned DNA"	
		/db_xref="taxon:3702"	
ORIGIN			
Query Match	79.5%; Score 1457.8; DB 6; Length 1461;		
Best Local Similarity	99.9%; Pred. No. 0;		
Matches 1459; Conservative	0; Mismatches 2; Indels 0; Gaps 0;		
QY	152	TCTTACCGTTTACCGCGTTTACGCCGCGTGGGTCCTCCACCGTACGTCTTCCACGCC	211
Db	1	TCTTACCGTTTACCGCGTTTACGCCGCGTGGGTCCTCCACCGTACGTCTTCCACGCC	60
QY	212	GTGCTCCGCGAGATTCTCTCTTTGGACAAACACACCGGAAACCACTTTCACACCCA	271
Db	61	GTGCTCCGCGAGATTCTCTCTTTGGACAAACACACCGGAAACCACTTTCACACCCA	120
QY	272	AAACCCACCGAGCATCTCAGAGTGTCTCGATCTCTCCGATCAAGCCGCTTTTCTCC	331
Db	121	AAACCCACCGAGCATCTCAGAGTGTCTCGATCTCTCCGATCAAGCCGCTTTTCTCC	180
QY	332	TCTATCCGACCTCTGATCTCTCTCCGTTCCACGCCCGGTGTTCATGCGCGCGCATAGT	391
Db	181	TCTATCCGACCTCTGATCTCTCTCCGTTCCACGCCCGGTGTTCATGCGCGCGCATAGT	240
QY	392	CGTATGCGCATCTTGAAGGACGTGGGTATAGAGCTCTAACTTATGAGCGCTTCGGTAG	451
Db	241	CGTATGCGCATCTTGAAGGACGTGGGTATAGAGCTCTAACTTATGAGCGCTTCGGTAG	300
QY	452	CGTATGCGCATCTTGAAGGACGTGGGTATAGAGCTCTAACTTATGAGCGCTTCGGTAG	511
Db	301	CGTATGCGCATCTTGAAGGACGTGGGTATAGAGCTCTAACTTATGAGCGCTTCGGTAG	360
QY	512	GATGCGCGACGAGCGCGCTGACGCGGTGAGAGCGCTTATGAGGTACGTGCTTAAAGG	571
Db	361	GATGCGCGACGAGCGCGCTGACGCGGTGAGAGCGCTTATGAGGTACGTGCTTAAAGG	420
QY	572	ATGCTTGTCTATGCGGTGAGACGCGCGATGACGCTGATCTTGTGATGATGATGACAA	631
Db	421	ATGCTTGTCTATGCGGTGAGACGCGCGATGACGCTGATCTTGTGATGATGATGACAA	480
QY	632	CAATTTCATTGACATTTGAAGCGCGCAAACTTTACCAATGATCACTTATAGCTCACTG	691
Db	481	CAATTTCATTGACATTTGAAGCGCGCAAACTTTACCAATGATCACTTATAGCTCACTG	540
QY	692	GTGTGGAAGATGACGATTTGTCATTTAGTCTTTCGAAACAGATGAGGATCTGCTG	751
Db	541	GTGTGGAAGATGACGATTTGTCATTTAGTCTTTCGAAACAGATGAGGATCTGCTG	600


```

Db      481  TTCAACGAGCAAGACAGACCATCATTTACACACCATTCAGGCTTACCTGAGAGAC 540
      1079  GCGGATGAGAGCTGCTTTGCGAGTACAAATGCTGAGAAAGATGCTCTAGGGG 1138
Db      541  GCTGATGAGAGCTTCTGCTGCGCTTACAGAGCCAGAGAGAGTCTCTAGGGT 600
Cy      1139  TTCAAGTTGGTGAAGAGGCGCTTACATGCTTACGCAAGCTAGCTTGGCGGATCCCTGAGT 1198
Db      601  TTTAAGTTGGTGAAGAGGCGCTTATATGCTAGGAGAGCTACATTACAGATTCCTCGGG 660
Cy      1199  TCGAAGTC 1206
Db      661  CACAGTC 668

RESULT 10
LOCUS   AB011478 47460 bp DNA linear PLN 27-DEC-2000
DEFINITION Arabidopsis thaliana genomic DNA, chromosome 5, p1 clone:MKD10.
ACCESSION AB011478 BA000015
VERSION   AB011478.1 GI:2924655
KEYWORDS
SOURCE   Arabidopsis thaliana (thale cress)
ORGANISM Arabidopsis thaliana
REFERENCE
AUTHORS  Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
          Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
          rosids; eurosids II; Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsis.
          1 (sites)
          Kaneko, T., Kotani, H., Nakamura, Y., Sato, S., Asamizu, E., Miyajima, N.
          and Tabata, S.
          Structural analysis of Arabidopsis thaliana chromosome 5. V.
          Sequence features of the regions of 1,381,565 bp covered by twenty
          one physically assigned P1 and YAC clones
          DNA Res. 5 (2), 131-145 (1998)
          9679202
          2 (bases 1 to 47460)
          Nakamura, Y.
          Direct Submission
          Submitted (02-MAR-1998) Yasukazu Nakamura, Kazusa DNA Research
          Institute, Department of Plant Gene Research, 1532-3, Yana,
          Kisarazu, Chiba 292-0812, Japan (E-mail: ynakamu@kazusa.or.jp,
          Tel:81-438-52-3935, Fax:81-438-52-3934)
          Address for correspondence: kaos@kazusa.or.jp
          For the latest information on annotation of this clone, please see
          http://www.kazusa.or.jp/kaos/cgi-bin/sgd_graph.cgi?c=MKD10
          Genes with similarity to proteins in the databases are described in
          'product' or 'note' qualifiers. Genes that have no significant
          protein similarity are described as 'unknown protein'.
          The software programs used to predict genes include: Grail
          (Informatics Group, Oak Ridge National Laboratory,
          http://compbio.ornl.gov/Grail-1.3/),
          GENSCAN (Chris Burge, MIT, http://CCR-081.mit.edu/GENSCAN.html),
          NetGene2 (S.M. Hebsgaard, et al., CBR, Technical University of
          Denmark, http://www.cbs.dtu.dk/services/NetGene2/) and
          SoliPredictor (Volker Brendel, Stanford University,
          http://gremml.zool.iastate.edu/cgi-bin/sp.cgi).
          Genes encoding tRNAs are predicted by tRNAscan-SE
          (Sean Eddy, Washington University School of Medicine, St. Louis,
          http://genome.wustl.edu/eddy/tRNAscan-SE/).
          This sequence may not be the entire insert of this clone. It may be
          shorter because we remove overlaps between neighboring submissions.
          The 5' clone is MB16 and the 3' clone is K156.

FEATURES
source
1..47460
/organism="Arabidopsis thaliana"
/mol_type="genomic DNA"
/strain="Columbia"
/db_xref="taxon:3702"
/chromosome="5"
/clone="MKD10"
/clone_1ib="Witeui P1"

CDS
complement(join(2825..3834,3928..6934,6982..7195))
/note="gb|AA057363.1
gene_id:MKD10.2
similar to unknown protein"
/pseudo
/codon_start=1
/evidence=not experimental
join(11289..11792,12666..13317,13401..13641,13819..13903)
/note="gene_id:MKD10.3"
/codon_start=1
/evidence=not experimental
/product="proline oxidase precursor"
/protein_id="BAB10129.1"
/db_xref="GI:10176897"
/translation="MAAPFLRPNI.IHRSFVSPVGPPTTIIPILSPDOKPPVDLT.
SDQARLPASVPISLTILASTILATISIGPVAIDGSLMSSKMDITTYTRVLATVIG
TFIDHFCAGEDPAARARVSVESTLKMALYGVGHADGACDNIKPLETVA
AKTLPSSLSVVVKTALICPMNVLRKVSQSLRWQYNPNPKLPKLNPSPPVSGSP
LHTTSPPEPLVEERELEKAEHLKSVCLRCQSNVPLIIDAEDTILQPAIDYMY
WSAIMEFSDKDRPIVYNTIOAYLKADGERLHMLRESKNVPFGFLVGAVMSSA
KLADSLGKSPVHDTIQNTDQCYNDGWSFLMERASNGSGLAVILATNTDQGLGAK
ASELIGINKENKIEFFALVGMDSALSPGLKAGPNYSKVPVDTATLYLLRAE
NRGMSYCALDRQLMRSLREELMIGEDTGKCTSFMEYCKRP"
complement(join(18366..18538,18612..18825,18919..19016,
19142..19270,19580..19690,19779..19925,20024..20137,
20379..20421))
/note="emb|CAB41546.1|
gene_id:MKD10.4
similar to unknown protein"
/codon_start=1
/evidence=not experimental
/protein_id="BAB10130.1"
/db_xref="GI:10176898"
/translation="MKETRLKKSNNLPKVTDKINAETVGGKIQKKNEKVSVELSE
DPOALQAKSSSEKPNKXKIQKGEIKTSSPADKLGKMKRREKXGNDISPILEA
ISTKYEKKKKKAKTKKKKAEKIRSSVEDLKRSKPKKKKKKMDTSSKXKI
EESBDVQISSGDECTCKMKKAVSDYERPELDLQKIDPFTAHBERLQEROD
KEAAGAGGWTVVVHNRKRTTESGTAVGSFSQALNEDKLAKKRQSEPAVAGYR
FQRDAQRNALVTVQALQFVCPDSDLELIGFVYCIWTBLALQSKREEDKRIQDLR
AARFKFP"
20850..22640
/note="contains similarity to salt-inducible protein
gene_id:MKD10.5"
/codon_start=1
/evidence=not experimental
/protein_id="BAB10131.1"
/db_xref="GI:10176899"
/translation="MVNLASNRBALIAGICATVAKGMKNILKKKVDGSLKSAIT
TOYSELSLFGSGYGGPSLSMSFPIWDSPLSSGHSLSKXKMLITKHKHPTAHOL
LDKLAQRELLSSPLVRLSYGVSDPEDESHFSMLNTYAKAGINSDIVFEQIR
SCGKRLQACTVLNSLVKQVLTDTVWKI PKMVVLGVANLHVANLHVANLHVACSKGD
PEKAEKLSMEKGVFPDI.FYNTLISYVCKSMHEVALSVDRNREGVAVNTIY
NSFLHPSREGREARLRLFREIKDVTANHVYTLILGYCMMNDIDELRLREWE
SRGSPGVYVNSILRLCEDGRIRBANRLTMSKLEPDNITNTLINAACKLED
MSAVKVKKKMISGLKLVYSKALIHGKCYLLEENKEELFEMIEKGFSGVATY
SVLVGYNVONKDDETLKEERKGLCADVALYGLIRLCKLEQVUYAYTLPSM
EKGLVSDSYITFLTAIYRTKRTVBASLFPVMTNRLMVKLIKISIASYADN
DVLRFPSVSHVDCILSKSLIREMNRSEVL"
complement(22974..24254)
/note="gene_id:MKD10.6
pit||T13016
similar to unknown protein"
/codon_start=1
/evidence=not experimental
/protein_id="BAB10132.1"
/db_xref="GI:10176900"
/translation="MTTIRSSPSSSRCSNSSSSSYSLASTSLNRLFTFKKASELTC
TLDCIACAVIYGPDELKTKWPEREKVDIARFQNLBALHKKSVLHGLKXK
IKKGLKPNKKKKTSLKNVNVLYKPLADHSPGVCLQSLNLSVNSKQERLRLPES
OKNKKRPQSLTSLSNLSLNSOPGLFMYNHYNTLSOIPVANSNDYISAL
LEOSELSQIMKQEVCGYEONMNSHGHATLSQITPFSNTRQDSFANNNOHSFVS
NTDDYTSVQSVNNNTGLKNQKIDLCGEHNMKSNRGDATFSQIPLSANPNQDE
SVSIOESGIMODELCGYDONOMSMGDIITNNNFVTCASVLESVNNFLQJMKKEF

```


Fax: 81-48-462-4674)

FEATURES Location/Qualifiers

source

1..1872

/organism="Nicotiana tabacum"

/mol_type="mRNA"

/cultivar="Samsun NN"

/db_xref="taxon:4097"

1..1872

/gene="cig1"

190..1672

/gene="cig1"

/note="cyclokinin inducible gene in cultured green tobacco homolog of proline dehydrogenase/oxygenase"

/codon_start=1

/product="Cig1"

/protein_id="BAB83948.1"

/db_xref="GI:18253083"

/translation="MAKRVCPKAFEDVLEFVRCNTATPVPNFTGAYATVTTTP

ALPTQVITADKVINFEVDKELFTGVSTLKLIRSTLTLQMAATEPMVDVGIWYNS

KLMMPIMKEVILGFVKGTFYEFHCAGKGLIEVRRTVTLSDVKGKMLDVEHATE

NESCDQSMKFLQTAESTKSLPSSSVFVVKITAICTPKLRMSDLLRMEKPSF

NLPWKQSLPLFSDSPFHTPOKPEPLFVEEHDOLAEHLMTICCKLELDVLL

IDAEPLAIDPAIDFAYSAIYKHDDDEMTGTCQAYKDSKEEMVIAKRAAEKGV

PMGKTVRGRVYNSEREELASRUGVSPHDSIEQTHCCNSCAEPMDEISGSAV

LATHNIDSGKLASKAIDGIRDSQKLFQADLYGABSLSTGLRNAGQVSKYLPFG

PVEQVMPYILIRAEENRGLSTSAFDRLMRKELTRRFVATS"

ORIGIN

Query Match 24.1% Score 441.8; DB 8; Length 1872;

Best Local Similarity 59.8%; Pred. No. 1.2e-100;

Matches 797; Conservative 0; Mismatches 527; Indels 9; Gaps 3;

323 CTTTCTCTCTATCCCAACCTCTGATCTCTCCGTCACCGCGGTGTGACGGCG 382

391 CTGTTACGGGTGTGCAACCTTAAGTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 450

383 GCGATAGTCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 442

451 GCGACTGAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 510

443 TCGGATACGGGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 502

511 CCAATAGTCAAGAGGTAATTCGGGTTTGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGT 570

503 GCCGTTGAAGATCCGACGCGCTGAGCGCGTGAAGCGGTTTGAAGCTATCGGT 562

571 GCTGAAAGACTTAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 627

563 CTTAAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 622

628 TTTAAAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 687

623 AACATGCAACATTCATTCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 682

688 AGATGAGGATTTTCTTCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 747

683 AGCTAGTGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 742

748 AGCTTTGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 807

743 GATCTGCGGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 802

808 GATTTCGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 867

803 TTTCCGTTTCTTCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 862

868 CTTTCACTTTTCTTCATTCACGCTTTTTCATTCACGCTTTTTCATTCACGCT 927

863 ACCGCGAAG 922

928 ACCGTGAG 987

923 AATGCGAAG 982

988 AATGCTTACAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1047

983 GCGATGATTCATGCTGATTCATTCGCGGATCATGCTCAATGCTGACAAAGCCGCA 1042

1048 GCAATGATTTATTTTGTGATATTCGACGATTAAGTATGATGATGATGATGATGAT 1104

1043 ATGCTTACAGCAGATTCAGCGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1102

1105 ATGATTTTGGACAAATTCATGCTTATTAAGATTTCTAAAGAAAGATGATGATGAT 1164

1103 GTACAAATGCTGAGAAAGAGATGCTTATGCGGCTTCAATGCTGATGATGATGATGAT 1162

1165 AAAAGGCTGAGAGAAATGAGGATTCATGATGATTTTAAAGCTTGTGAGAGGCTTAT 1224

1163 ATGCTTACAGCAGATTCAGCGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1222

1225 ATGCTTACAGCAGATTCAGCGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1284

1223 ATTCAGATTCATCTCTGTTTACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1282

1285 ATTCAGATTCATCTCTGTTTACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1344

1283 AACGTTCTGCTTCTGCTGCTTCTGCTGCTTCTGCTGCTTCTGCTGCTTCTGCTGCT 1342

1345 AATGCTCTGG---AGCAGTGTGCTTCTGCACTCATTAATTCATGATGATGATGAT 1401

1343 TCGAGAAAGGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1402

1402 GCATGAAAGGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1461

1403 CTATATGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1462

1462 CTATATGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1521

1463 AATGATATGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1522

1522 AATGATATGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1581

1523 GAGAACCGGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1582

1582 GAAACAGAGGCTCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1641

1583 AAGAGATTTAATCGCGGATTCGTTAAAGAGAGATGATGATGATGATGATGATGAT 1642

1642 ACCGAGATTTAAGGAGCACTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1701

1643 GCGAATGATGAT 1655

1702 GAAGTATATAT 1714

RESULT 12

AK121010 1782 bp mRNA linear PLN 29-OCT-2003

Oryza sativa (japonica cultivar-group) cDNA clone:J023047B13, full

insert sequence.

AK121010

AK121010.1 GI:37990633

FLI CDNA; CAP trapper.

Oryza sativa (japonica cultivar-group)

Oryza sativa (japonica cultivar-group)

Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;

Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Poales; Poaceae;

Euphorbiaceae; Oryzae; Oryza.

REFERENCE

1

The Rice Full-length CDNA Consortium, National Institute of

Agrobiological Sciences Rice Full-length CDNA Project Team;

Kikuchi, S., Satoh, K., Nagata, T., Kawagashira, N., Doi, K.,

Kishimoto, N., Yazaki, J., Ishikawa, M., Yamada, H., Ooka, H., Hotta, I.,

Kojima, K., Namiki, T., Ohneda, E., Yahagi, W., Suzuki, K., Li, C.,

Onsuki, K., Shishiki, T., Foundation of Advancement of International

Science Genome Sequencing & Analysis Group; Otomo, Y., Murakami, K.,

TITLE
JOURNAL
MEDLINE
PUBMED
REFERENCE
AUTHORS

Science 301 (5631), 376-379 (2003)
22752273
12869764
2

TITLE
JOURNAL
REFERENCE
AUTHORS
TITLE
JOURNAL

Unpublished
3 (bases 1 to 1782)
Kikuchi, S.
Direct Submission
Submitted (31-JAN-2003) Shoshi Kikuchi, National Institute of
Agrobiological Sciences, Department of Molecular Genetics, Head of
Laboratory of Gene Expression, 2-1-2 Kannondai, Tsukuba, Ibaraki
305-8602, Japan (E-mail:skikuchi@nias.affrc.go.jp,
Tel:81-29-838-7007, Fax:81-29-838-7007)
This clone is one of the 32k full-length cDNA clones from japonica
rice.
URL: <http://cdna01.dna.affrc.go.jp/cDNA/>
NIAS Rice Full-length cDNA Project Team: Kikuchi, S., Satoh, K.,
Nagata, T., Kawagashira, N., Doi, K., Kishimoto, N., Yazaki, J.,
Ishikawa, M., Yamada, H., Ooka, H., Hotta, I., Ohtsuka, K., Namiki, T.,
Ohneda, E., Yanagi, W., Suzuki, K., Li, C., Ohsuiki, K., Shishiki, T.,
Yamamoto, M. and Nakahama, Y.

FAIS Genome Sequencing & Analysis Group: Otsu, Y., Iida, Y.,
Fujimura, T., Ikeda, R., Ishibiki, J., Kawamata, M.,
Kobayashi, M., Kodama, T., Kurosaki, T., Kusumegi, T., Lu, M.,
Masuda, H., Miura, J., Mizuno, K., Nakikawa, R., Nikiura, J., Oka, M.,
Ryu, R., Sugano, S., Sugiyama, A., Suzuki, Y., Tanuda, Y., Ueda, M.,
Xie, Q., Yokomizo, S., Yoshimura, A., Matsubara, K. and Murakami, K.
Genome Exploration Research Group in Riken Genomic Sciences Center
and Genome Science Laboratory in Riken: Adachi, J., Aizawa, K.,
Akimura, T., Arikawa, T., Carninci, P., Fukuda, S., Hanasaki, T.,
Hara, A., Hashizume, W., Hayashida, K., Hayatsu, N., Hiramoto, K.,
Hirooka, T., Hori, F., Iida, J., Imamura, K., Imotani, K., Ishii, Y.,
Itoh, M., Kagawa, I., Kanagawa, S., Katoh, H., Kawai, J.,
Kishikawa-Hirozane, T., Kojima, Y., Kondo, S., Konno, H., Kouda, M.,
Koya, S., Kurihara, C., Matsuyama, T., Miyazaki, A., Murata, M.,
Nakamura, M., Nishi, K., Nomura, K., Numasaki, R., Ohno, M., Otsu, N.,
Ota, Y., Saitoh, H., Sakai, C., Sakai, K., Sato, K., Shibata, K.,
Shikazume, N., Sano, H., Sasaki, D., Sato, K., Shibata, K.,

Shinagawa, A., Shiraki, T., Sogabe, Y., Tagami, M.,
Tagami-Takeda, Y., Tagawa, A., Takahashi, F.,
Takanu, A., Tanaka, S., Tanaka, T., Tomaru, A., Toya, T., Waki, K.,
Yasunishi, A. and Hayashizaki, Y.

FEATURES
source
1. 1782
/organism="Oryza sativa (japonica cultivar-group)"
/mol type="mRNA"
/cultivar="Nipponbare"
/DB_xref="taxon:39947"
/clone="J023047B13"

ORIGIN

Query Match 14.9%; Score 274; DB 8; Length 1782;
Best Local Similarity 54.3%; Pred. No. 4,1e-58;
Matches 694; Conservative 0; Mismatches 560; Indels 24; Gaps 6;

350 CTCCTCGTTCCACCGCGCTGTTCATGCGCGCGCATAGTCTATGCTCACTTAGG 409
347 CTGATGCGACGCTCCCGCTGCTGACGCGCTGTGCTGCGCGCGCTGCTGCGCG 406
410 ACGTGGTATGACCTTAACTTATGACGCTTGTGACGCGCTGCGCGCATGTTTAGG 469
407 ACGCGCGCTGAGTGTGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCG 457
470 CTGTGAAAAGTACGTTTATGACATTTTTCGCGCGTGAAGATGCCAGCGCGCT 529
458 GCG 517
530 GAGCGCGTGAAGAGCTTATGAGTACTGTCTTAAAGGATGTTTCTATGCGCG 589
518 GCGCGCGTGGCGCGCTTCTGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCG 574
590 GAACGCGCGATGACCTGTATCTGTGATGATTAACATCAACAACTTATGAACT 649
575 GAGAGCGCGGAGACG 634
650 GAGCG 709
635 GAGCG 691
710 ATTGTGCAATAGTCTTCTGAAACAGTGAAGATCTGCTGCGCGCGCGCGCGCGCG 769
692 CTGTGCG 751
770 CGGAATCTCAATCTGATGAGAGCTCAATAGTCTTCTGCGCGCGCGCGCGCGCG 829
752 CCGCGCGCGAGCGTGCATGAGAGAGTCAAGTCAAGTCAAGTCAAGTCAAGTCAAG 811
830 CTGTACCAACAATCTGAGAGAGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCG 889
812 CTGTACCTGAGCG 871
890 GCACTCATGAGAGATTCAGAAATCTGTAGAAATGCGCAAGTCAATGATCATTTG 949
872 ATGCG 931
950 TTGATTTAGTGGAGAGCAATCTCTCAACCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCG 1009
932 CTGTGAGCG 991
1010 GCGATCATGTTCAATCTGACCAAGACCGCAATCGTTTACCAACGATTCAGCGCGTAC 1069
992 GCGTGGCGTTTAAACCG 1048
1070 TTGAGAGAGCG 1129
1049 CTCG 1108
1130 CTATGCGCGTTCAGTGTGAGAGAGCGCGTTCATGATTCAGCAAGTATGCTTGGCGGAT 1189
1109 TGCGTGGCGTCAAGCGTGTGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCG 1168

QY 1190 TCCTGGGTTGCAAGTGGCCAGTCCAGCAACAATTAGAGTACTACTCTTGTACAT 1249
 DB 1169 TCCCTCGCGTGCCTGCGCGGTCCAGCAGATCCAGCAACCCAGACTCTCTCAAC 1228
 QY 1250 GATTGTATGACATCTCTGATGAGAAAGCATCAACCGTTCTGATTCGTTCTTC 1309
 DB 1229 GCGTGGCGCGGTCTCTCTCTGACCGCGTCCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCG 1285
 QY 1310 GCAACACATTAACGCTGATTCGGGAGACTTCGCTCGAGAAAGCGAGTCACTCGGAT 1368
 DB 1286 GCCACGACAACTGAGTCCGGGCACTCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCGCG 1345
 QY 1369 --CGATTAACGAACGGGAAGATAGATTGACAGCTATATGATGATGATGATG 1426
 DB 1346 GCG 1405
 QY 1427 TCCTTCGGGTTTAAAGAGAGAGGTTCAATTGATGAGAGTACATGCCGTTGAC 1486
 DB 1406 TCGCTCGGCGCTCCGCAACGCGCGGTCCAGGTAGCAAGTACCTGCGGTCCAGTG 1465
 QY 1487 GCAACCGCTATACCGGTATCTCTCCGACGCGCTTATGAGAACCGCGGAATGCGCAC 1546
 DB 1466 GAGCAGATCATCCGCTACCTCATCAGACGAGCAGAGAAAGAGGATTCCTCTCT 1525
 QY 1547 GGAGCTCATGACCGTCACTCATGAGATGAGAACTTAAGAGATTAATGCCGCGAT 1606
 DB 1536 TCTCTCTTCCAGCAACAGCTCTCTCCGGAAGAGCTTGTGAGAGTTCAAGGCTGCAATG 1585
 QY 1607 GCGTAAAGAGAGATGATG 1624
 DB 1586 CTGGGACGCTGAGTAAAG 1603

RESULT 13

AF171226 333 bp mRNA linear PLN 11-AUG-1999
 LOCUS AF171226
 DEFINITION Brassica napus proline dehydrogenase (pdx) mRNA, partial cds.
 ACCESSION AF171226
 VERSION AF171226.1 GI:5726626

KEYWORDS

SOURCE
 ORGANISM
 Brassica napus (rape)

Brassicaceae; Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots; rosids; eurosids II; Brassicales; Brassicaceae; Brassica.

REFERENCE

1 (bases 1 to 333)
 Deleu, C., Nioget, M.-F. and Larher, F.
 Isolation of a partial proline dehydrogenase cDNA from rape seed

JOURNAL

Unpublished
 2 (bases 1 to 333)
 Deleu, C., Nioget, M.-F. and Larher, F.
 Direct Submission

AUTHORS

Submitted (23-JUL-1999) Physiologie et Biochimie Vegetales, CNRS
 UMR 6553, Avenue du General Leclerc, Rennes 35042, France

FEATURES

location/Qualifiers
 1..333
 /organism="Brassica napus"
 /mol_type="mRNA"
 /cultiivar="oleifera"
 /db_xref="taxon:3708"

gene

<1..>333
 /gene="pdx"
 /codon_start=1
 /product="proline dehydrogenase"
 /protein_id="BAD48490.1"
 /db_xref="GI:5726627"

CDS

translation="SSBRLADSLGKSPVVDITONTHDCYNNCTFIMERKASNGSGF
 GVYLAHNADSGRLASKKASSELNIDKENGKIEFAPQVIGMSALSFGLKRAGFNYSKM
 PGPVETAI"

ORIGIN

Query Match 14.2%; Score 261; DB 8; Length 333;
 Best Local Similarity 86.5%; Pred. No. 6.3e-55;
 Matches 288; Conservative 0; Mismatches 45; Indels 0; Gaps 0;
 QY 1166 TCTAGCAAGAGTACCTTGGCGATTCCTCGGTTGCAAGTGGCCAGTCCAGCAACAATT 1225
 DB 1 TCTATGAAAGCTAGGCTGCGAGATTCTTGGGCGCAAGTCAACGATCCAGCAACAATT 60
 QY 1226 CAGGATCTCACTCTTGTAAATGATGTATGATCTTCCGATGAGAAAGCATCAAC 1285
 DB 61 CAGAACAGCAGATTTGCTAATAATGATGATCTTCTTAATGAGAAAGCTCAAC 120
 QY 1286 GGTTCGTTTCGGTGTGCTCTCGCAACATTAACGCTGATTCGGGAGACTTCGCTCG 1345
 DB 121 GGTTCGCGCTTCGGTGTGCTCTCGCAACATTAACGCTGATTCGGGAGACTTCGCA 180
 QY 1346 AAGAAAGCAGATGACCTCGGATGATTAACAGAACGGAAGATGAGATTGCGACAGTA 1405
 DB 181 AAGAAAGCAGATGACCTCAATGATTAAGAAAGGGAAGATGAGATTGCGACAGTA 240
 QY 1406 TATGATGTGAGATGATGATGCTTCGGTTAAAGAGCAGGAGTTCAATGTTAGCAAG 1465
 DB 241 TACGATATGTCAGATGATGATGCTTCGTTTAAAGAGCAGGAGTTCAATGTTAGCAAG 300
 QY 1466 TACATGCGGTTTGAACCGCTCGCAACCGCTATA 1498
 DB 301 TACATGCGGTTTGAACCGCTCGCAACCGCTATA 333

RESULT 14

AX653926 1227 bp DNA linear PAT 22-MAR-2003
 LOCUS AX653926
 DEFINITION Sequence 3796 from Patent WO03000898.
 ACCESSION AX653926
 VERSION AX653926.1 GI:29156740

KEYWORDS

SOURCE
 ORGANISM
 Oryza sativa
 Oryza sativa
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Poales; Poaceae;
 Ehrhartoideae; Oryzoideae; Oryza.

REFERENCE

1 Chang, H.S., Chen, W., Cooper, B., Glazebrook, J., Goff, S.A., Hou, Y.M., Katagiri, F., Quan, S., Tao, Y., Whitman, S., Xie, Z., Zhu, T. and Zou, G.
 Plant genes involved in defense against pathogens
 Patent: WO 0300898-A 3796 03-JAN-2003;
 Syngenta Participations AG (CH)

JOURNAL

Location/Qualifiers
 1..1227
 /organism="Oryza sativa"
 /mol_type="unassigned DNA"
 /db_xref="taxon:4530"

FEATURES

source
 1..1227
 /organism="Oryza sativa"
 /mol_type="unassigned DNA"
 /db_xref="taxon:4530"

ORIGIN

Query Match 14.1%; Score 258; DB 6; Length 1227;
 Best Local Similarity 55.3%; Pred. No. 4.4e-54;
 Matches 583; Conservative 2; Mismatches 457; Indels 12; Gaps 4;

QY 569 GGGATCTTGTCTATGCGCTGCAACAGCGCCATGACGCTGATCTTGCATATTAACATG 628
 DB 7 GGGATCTTGTCTATGCGCTGCAACAGCGCGGAGCGCGCCGCTGCAACAGCGCC 66
 QY 629 CAACATTCATTCGAACATGAGAGCTGCAATCTTTTACCAACATCTCACTTTAGCTCA 688
 DB 67 GCGGATCTCTCGCGCCATGAGAGCTGCGCGCGCGCTC---CTCTGCTCGCGAGC 123
 QY 689 GTGCTTGAAGATTAAGTCCATTTGTCCATTAAGTCTTCTTAAGAGAGTGAAGATCG 748
 DB 124 GTGTGATCAAGATCAAGCGCTGCGCGCTGCGCTGCTGAGAGAGCGAGTAACTTG 183
 QY 749 CTGCGGTGGAATATCAAAAGTCCGAATCTCAACTCTCATGAGAGCTCAATCGTTTCG 808
 DB 184 CTGCGGTGCGAGAGAGACCGCGGAGAGAGCTGCAATGAAAGTGAACGGTTCCCG 243

Thu Mar 11 07:51:07 2004

us-10-026-767-3.rge

Page 19

Search completed: March 10, 2004, 19:22:16
Job time : 6892.99 secs

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2004 CompuGen Ltd.

OK nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: March 10, 2004, 09:18:05 ; Search time 628.751 Seconds
(without alignments)
12384.789 Million cell updates/sec

Title: US-10-026-767-3

Perfect score: 1833
Sequence: 1 agcgcttagaagaaacacg.....ataaaatgcttttacttt 1833

Scoring table: IDENTITY NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 3373863 seqs, 212409041 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 6747726

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database : N Geneseq 29Jan04:*
1: geneseqn1980s:*
2: geneseqn1990s:*
3: geneseqn2000s:*
4: geneseqn2001as:*
5: geneseqn2001bs:*
6: geneseqn2002s:*
7: geneseqn2003as:*
8: geneseqn2003bs:*
9: geneseqn2003cs:*
10: geneseqn2004s:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	1833	100.0	1833	7	ABX93779 Thale cre
2	1769.2	96.5	1835	3	AAC47865 Arabidops
3	1764.8	96.3	1844	3	AAC41972 Arabidops
4	1757.6	95.9	1837	3	AAC42169 Arabidops
5	1680.8	91.7	1687	3	AAC50748 Arabidops
6	1490.4	81.3	1500	7	ADA68100 Arabidops
7	1457.8	79.5	1461	6	ABZ13606 Arabidops
8	1280.6	69.9	1339	6	ABEN98243 Arabidops
9	474.8	25.9	1850	4	AAEF7062 M. sativa
10	438.4	23.9	475	6	ABL93291 Arabidops
11	279.6	15.3	2596	4	AAEF7063 M. sativa
12	258	14.1	1227	7	ADA70473 Rice gene
13	151	8.2	2000	6	ABZ16299 Arabidops
14	151	8.2	2000	6	ADA69271 Arabidops
15	123.6	6.7	1494	6	ABN84373 Mouse pro
16	123.6	6.7	1494	6	ABN84376 Mouse var
17	123.6	6.7	2240	6	ABN84376 Mouse var
18	123.6	6.7	2240	6	ABN84376 Mouse var
19	119.4	6.5	121	6	ABK25630 Stress to
20	119.4	6.5	121	6	ABK25631 Stress to
21	119.4	6.5	121	6	ABK25637 Stress to
22	119.4	6.5	121	6	ABK25645 Stress to
23	119.4	6.5	121	6	ABK25646 Stress to

C	24	119.4	6.5	121	6	ABK25638 Stress to
C	25	119.4	6.5	121	6	ABK25642 Stress to
C	26	119.4	6.5	121	6	ABK25629 Stress to
C	27	117.8	6.4	121	6	ABK25633 Stress to
C	28	117.8	6.4	121	6	ABK25634 Stress to
C	29	107.2	5.8	1551	9	ABN84372 Human pro
C	30	107.2	5.8	2389	6	ABN84372 Human pro
C	31	107.2	5.8	2389	6	ABN84372 Human pro
C	32	105.8	5.8	2565	9	ABN84372 Human pro
C	33	105.8	5.8	2565	9	ABN84372 Human pro
C	34	86.2	4.7	1896	4	AAH14213 Human CDN
C	35	86.2	4.7	1896	4	AAH14213 Human CDN
C	36	68.8	3.8	2474	5	AAH86282 DNA encod
C	37	68	3.7	567	6	AAH86282 DNA encod
C	38	65.8	3.6	219	2	AAZ33823 Toxicity-
C	39	65.8	3.6	876	4	AAZ33823 Toxicity-
C	40	58.8	3.2	465	8	AAH15079 Human adu
C	41	57.4	3.1	413	7	ABX48821 Bovine ES
C	42	56.2	3.1	3424	4	ABH17027 Drosophi
C	43	56.2	3.1	3424	4	ABH17027 Drosophi
C	44	56.2	3.1	3471	4	ABH17027 Drosophi
C	45	56.2	3.1	3752	4	ABH17013 Drosophi

ALIGNMENTS

RESULT 1

ID ABX93779 standard; CDNA; 1833 BP.

AC ABX93779;

DT 17-JUN-2003 (first entry)

DE Thale cress proline dehydrogenase (ProDH) antisense cDNA.

XX Grass: delta¹-pyrroline-5-carboxylate synthetase; P5CS; gene; se;

KW proline dehydrogenase; ProDH; stress tolerance; water tolerance; calli;

KM salt stress; salinity tolerance; temperature tolerance; protoplast;

KW proline accumulation; thale cress; antisense.

XX Arabidopsis thaliana.

XX Key Location/Qualifiers

XX CDS 113..1612

XX GB2376236-A.

XX 11-DEC-2002.

XX 24-DEC-2001; 2001GB-00030946.

XX 08-JUN-2001; 2001JP-00174553.

XX (HITA) HITACHI LTD.

XX (BICO-) BIO-ORIENT TECHNOLOGY RES ADVANCEMENT.

XX (INDE-) INDEPENDENT ADMINISTRATIVE INST NAT INST.

XX (RIKE) RIKEN KK.

XX Yoshida Y, Shinozaki K,

XX WPI; 2003-203644/20.

XX P-PSDB; ABU09031.

XX New grass plant overexpressing a P5CS gene from rice, useful for making

XX transgenic plants with higher levels of proline accumulating ability, and

XX more improved salinity-tolerance, drought-tolerance and low temperature-

XX tolerance.

XX Claim 3; Page 37-42; 52pp; English.

XX The invention relates to a grass plant in which a delta¹-pyrroline-5-carboxylate synthetase (P5CS) gene of rice, or a P5CS gene of Arabidopsis thaliana and the antisense gene of a proline dehydrogenase (P5DH) gene of Arabidopsis thaliana, have been introduced in tandemly connected relation to each other. A new method of the present invention is useful for the production of a transgenic rice plant with improved stress tolerance, especially for water or salt stress and low temperatures. The invention provides for transgenic plants with a higher level of proline accumulating ability. The invention also relates to a grass plant obtained by introducing a vector comprising a gene of the invention into a calli or protoplast derived from a grass plant, growing the calli or protoplast to obtain a colony and regenerating a plant body from the calli or colony. This sequence represents DNA encoding the thale cress ProDH polypeptide of the invention

XX Sequence 1833 BP, 521 A, 411 C, 421 G, 480 T, 0 U, 0 Other;

Query Match 100.0%; Score 1833; DB 7; Length 1833;

Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0; Matches 1833; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 1 AGCGTTGAAAACACGCGATTAACCGAAACATCAAGCAACAAAAAAGAA 60
 DB 1 AGCGTTGAAAACACGCGATTAACCGAAACATCAAGCAACAAAAAAGAA 60
 QY 61 GAGAAATATTTTGTGTTTCTTTTCAAAAAACAATCTTGAATTTATGCAAC 120
 DB 61 GAGAAATATTTTGTGTTTCTTTTCAAAAAACAATCTTGAATTTATGCAAC 120
 QY 121 CGGTTCTCCGGAACAACTTTATCCGGGATCTTACCGTTTACCCGGT 180
 DB 121 CGGTTCTCCGGAACAACTTTATCCGGGATCTTACCGTTTACCCGGT 180
 QY 181 GGGTCTCCGGAACAACTTTATCCGGGATCTTACCGTTTACCCGGT 240
 DB 181 GGGTCTCCGGAACAACTTTATCCGGGATCTTACCGTTTACCCGGT 240
 QY 241 ACAAGCACCGGACCACTTTACCAACCAACCAACGAGCAATCTCAAGTGTCT 300
 DB 241 ACAAGCACCGGACCACTTTACCAACCAACCAACGAGCAATCTCAAGTGTCT 300
 QY 301 CGATCTCCGATCAAGCCCGCTTTCTCCATATCCCAACCTCTATCCCTCCGTTTC 360
 DB 301 CGATCTCCGATCAAGCCCGCTTTCTCCATATCCCAACCTCTATCCCTCCGTTTC 360
 QY 361 CACCGCGGTGTCAGCGCGGCGATAGTCTATAGTCTGACCTAGGAGCTGATCAT 420
 DB 361 CACCGCGGTGTCAGCGCGGCGATAGTCTATAGTCTGACCTAGGAGCTGATCAT 420
 QY 421 GAGCTCTAACTTATGAGCGCTTCCGTAACCGGTGATGTTTAAAGGCTTGAAG 480
 DB 421 GAGCTCTAACTTATGAGCGCTTCCGTAACCGGTGATGTTTAAAGGCTTGAAG 480
 QY 481 TACGTTTATGACATTTTGGCCGCGTGAAGAGCCGACGACCCGCTGAGCCCGT 540
 DB 481 TACGTTTATGACATTTTGGCCGCGTGAAGAGCCGACGACCCGCTGAGCCCGT 540
 QY 541 AAGCGTTTATGAGCTTCTTAAAGGATGCTTCTATAGCGCTGACACGCGCA 600
 DB 541 AAGCGTTTATGAGCTTCTTAAAGGATGCTTCTATAGCGCTGACACGCGCA 600
 QY 601 TGAACCTGATCTTATGATGATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAAT 660
 DB 601 TGAACCTGATCTTATGATGATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAAT 660
 QY 661 ATCTTACCAATCTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACT 720
 DB 661 ATCTTACCAATCTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACT 720
 QY 721 TAGTCTTGAAG 780
 DB 721 TAGTCTTGAAG 780

QY 781 ACTTCATGAG 840
 DB 781 ACTTCATGAG 840
 QY 841 AAATCAGAACCGGAAACCTTAAACCGGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 900
 DB 841 AAATCAGAACCGGAAACCTTAAACCGGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 900
 QY 901 AAGGATTCAGAAATCTGATGAGAAATGCGAAGATTCATGATGATGATGATG 960
 DB 901 AAGGATTCAGAAATCTGATGAGAAATGCGAAGATTCATGATGATGATGATG 960
 QY 961 GGAAGACCAATCTCTCAACCCGAGTCAATGATGATGATGATGATGATGATG 1020
 DB 961 GGAAGACCAATCTCTCAACCCGAGTCAATGATGATGATGATGATGATGATG 1020
 QY 1021 CAATGCTGACAAAGACCGACCAATGCTTACCAACGATTCAGAGAGAGAGAG 1080
 DB 1021 CAATGCTGACAAAGACCGACCAATGCTTACCAACGATTCAGAGAGAGAGAG 1080
 QY 1081 CGGTGAGACCTGCAATTTGGCAGTACAAATGCTGAGAAAGAGATGTTCTAT 1140
 DB 1081 CGGTGAGACCTGCAATTTGGCAGTACAAATGCTGAGAAAGAGATGTTCTAT 1140
 QY 1141 CAAGTGTGAG 1200
 DB 1141 CAAGTGTGAG 1200
 QY 1201 CAAGTGTGAG 1260
 DB 1201 CAAGTGTGAG 1260
 QY 1261 ATTCTGATGAG 1320
 DB 1261 ATTCTGATGAG 1320
 QY 1321 CGGTGATGAG 1380
 DB 1321 CGGTGATGAG 1380
 QY 1381 CGGAG 1440
 DB 1381 CGGAG 1440
 QY 1441 GAG 1500
 DB 1441 GAG 1500
 QY 1501 GATCTCTCCGAGCGGCTTATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1560
 DB 1501 GATCTCTCCGAGCGGCTTATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1560
 QY 1561 TCAACTCATGAG 1620
 DB 1561 TCAACTCATGAG 1620
 QY 1621 TATGAG 1680
 DB 1621 TATGAG 1680
 QY 1681 AGAATTTGAAAACAAAAATTTATATATATATATATATATATATATATATAT 1740
 DB 1681 AGAATTTGAAAACAAAAATTTATATATATATATATATATATATATATATAT 1740
 QY 1741 GCTAAATATTTTCAATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1800
 DB 1741 GCTAAATATTTTCAATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1800
 QY 1801 ATTCACTTATCAATTAATAATATATATATATATATATATATATATATATAT 1833
 DB 1801 ATTCACTTATCAATTAATAATATATATATATATATATATATATATATATAT 1833

RESULT 2
AAC47865
ID AAC47865 standard; DNA, 1835 BP.
XX
XX AAC47865;
XX
DT 18-OCT-2000 (first entry)
XX
XX Arabidopsis thaliana DNA fragment SEQ ID NO: 55402.
XX
XX Hybridisation assay; genetic mapping; gene expression control;
KW protein identification; signal transduction pathway; metabolic pathway;
XX promoter; termination sequence; ss.
XX Arabidopsis thaliana.
XX
XX EPI033405-A2.
XX
XX
XX 06-SEP-2000.
XX
XX
XX 25-FEB-2000; 2000EP-00301439.
XX
XX
XX 25-FEB-1999; 99US-0121825P.
XX 05-MAR-1999; 99US-0123180P.
XX 09-MAR-1999; 99US-0123548P.
XX 23-MAR-1999; 99US-0125788P.
XX 25-MAR-1999; 99US-0126264P.
XX 29-MAR-1999; 99US-0126785P.
XX 01-APR-1999; 99US-0127462P.
XX 06-APR-1999; 99US-0128234P.
XX 08-APR-1999; 99US-0128714P.
XX 16-APR-1999; 99US-0129845P.
XX 19-APR-1999; 99US-0130077P.
XX 21-APR-1999; 99US-0130449P.
XX 23-APR-1999; 99US-0130510P.
XX 23-APR-1999; 99US-0130891P.
XX 28-APR-1999; 99US-0131449P.
XX 30-APR-1999; 99US-0132048P.
XX 04-MAY-1999; 99US-0132407P.
XX 04-MAY-1999; 99US-0132484P.
XX 05-MAY-1999; 99US-0132485P.
XX 06-MAY-1999; 99US-0132486P.
XX 06-MAY-1999; 99US-0132487P.
XX 07-MAY-1999; 99US-0132863P.
XX 11-MAY-1999; 99US-0133256P.
XX 14-MAY-1999; 99US-0134218P.
XX 14-MAY-1999; 99US-0134221P.
XX 14-MAY-1999; 99US-0134370P.
XX 18-MAY-1999; 99US-0134768P.
XX 18-MAY-1999; 99US-0134941P.
XX 19-MAY-1999; 99US-0135124P.
XX 20-MAY-1999; 99US-0135124P.
XX 21-MAY-1999; 99US-0135353P.
XX 24-MAY-1999; 99US-0135629P.
XX 25-MAY-1999; 99US-0136021P.
XX 27-MAY-1999; 99US-0136322P.
XX 28-MAY-1999; 99US-0136782P.
XX 01-JUN-1999; 99US-0137222P.
XX 03-JUN-1999; 99US-0137528P.
XX 04-JUN-1999; 99US-0137502P.
XX 07-JUN-1999; 99US-0137724P.
XX 08-JUN-1999; 99US-0138094P.
XX 10-JUN-1999; 99US-0138540P.
XX 10-JUN-1999; 99US-0138847P.
XX 14-JUN-1999; 99US-0139119P.
XX 16-JUN-1999; 99US-0139452P.
XX 17-JUN-1999; 99US-0139453P.
XX 17-JUN-1999; 99US-0139492P.
XX 18-JUN-1999; 99US-0139454P.
XX 18-JUN-1999; 99US-0139455P.
XX 18-JUN-1999; 99US-0139456P.
XX 18-JUN-1999; 99US-0139457P.

PR 18-JUN-1999; 99US-0139458P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139459P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139460P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139461P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139462P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139463P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139750P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139763P.
PR 21-JUN-1999; 99US-0139817P.
PR 22-JUN-1999; 99US-0139899P.
PR 23-JUN-1999; 99US-0140353P.
PR 24-JUN-1999; 99US-0140354P.
PR 24-JUN-1999; 99US-0140695P.
PR 28-JUN-1999; 99US-0140823P.
PR 29-JUN-1999; 99US-0140991P.
PR 30-JUN-1999; 99US-0141287P.
PR 01-JUL-1999; 99US-0141842P.
PR 01-JUL-1999; 99US-0142154P.
PR 02-JUL-1999; 99US-0142055P.
PR 06-JUL-1999; 99US-0142390P.
PR 08-JUL-1999; 99US-0142803P.
PR 09-JUL-1999; 99US-0142920P.
PR 12-JUL-1999; 99US-0143297P.
PR 13-JUL-1999; 99US-0143542P.
PR 14-JUL-1999; 99US-0143624P.
PR 15-JUL-1999; 99US-0144005P.
PR 16-JUL-1999; 99US-0144085P.
PR 16-JUL-1999; 99US-0144086P.
PR 19-JUL-1999; 99US-0144328P.
PR 19-JUL-1999; 99US-0144331P.
PR 19-JUL-1999; 99US-0144332P.
PR 19-JUL-1999; 99US-0144333P.
PR 19-JUL-1999; 99US-0144334P.
PR 19-JUL-1999; 99US-0144335P.
PR 19-JUL-1999; 99US-0145085P.
PR 22-JUL-1999; 99US-0145085P.
PR 22-JUL-1999; 99US-0145087P.
PR 22-JUL-1999; 99US-0145089P.
PR 22-JUL-1999; 99US-0145192P.
PR 23-JUL-1999; 99US-0145145P.
PR 23-JUL-1999; 99US-0145218P.
PR 23-JUL-1999; 99US-0145224P.
PR 26-JUL-1999; 99US-0145276P.
PR 27-JUL-1999; 99US-0145913P.
PR 27-JUL-1999; 99US-0145918P.
PR 27-JUL-1999; 99US-0145919P.
PR 28-JUL-1999; 99US-0145951P.
PR 02-AUG-1999; 99US-0146386P.
PR 02-AUG-1999; 99US-0146388P.
PR 02-AUG-1999; 99US-0146389P.
PR 03-AUG-1999; 99US-0147038P.
PR 04-AUG-1999; 99US-0147204P.
PR 04-AUG-1999; 99US-0147302P.
PR 05-AUG-1999; 99US-0147192P.
PR 05-AUG-1999; 99US-0147260P.
PR 06-AUG-1999; 99US-0147303P.
PR 06-AUG-1999; 99US-0147416P.
PR 09-AUG-1999; 99US-0147493P.
PR 09-AUG-1999; 99US-0147935P.
PR 10-AUG-1999; 99US-0148171P.
PR 11-AUG-1999; 99US-0148319P.
PR 12-AUG-1999; 99US-0148341P.
PR 13-AUG-1999; 99US-0148655P.
PR 13-AUG-1999; 99US-0148684P.
PR 16-AUG-1999; 99US-0149368P.
PR 17-AUG-1999; 99US-0149175P.
PR 18-AUG-1999; 99US-0149426P.
PR 20-AUG-1999; 99US-0149722P.

PR 20-AUG-1999; 99US-0149723P.
 PR 20-AUG-1999; 99US-0149929P.
 PR 23-AUG-1999; 99US-0149902P.
 PR 23-AUG-1999; 99US-0149930P.
 PR 25-AUG-1999; 99US-0150566P.
 PR 26-AUG-1999; 99US-0150884P.
 PR 27-AUG-1999; 99US-0151065P.
 PR 27-AUG-1999; 99US-0151066P.
 PR 27-AUG-1999; 99US-0151080P.
 PR 30-AUG-1999; 99US-0151303P.
 PR 31-AUG-1999; 99US-0151383P.
 PR 01-SEP-1999; 99US-0151303P.
 PR 07-SEP-1999; 99US-0152363P.
 PR 10-SEP-1999; 99US-0153070P.
 PR 13-SEP-1999; 99US-0153758P.
 PR 15-SEP-1999; 99US-0154018P.
 PR 16-SEP-1999; 99US-0154039P.
 PR 20-SEP-1999; 99US-0154779P.
 PR 22-SEP-1999; 99US-0155139P.
 PR 23-SEP-1999; 99US-0155486P.
 PR 24-SEP-1999; 99US-0155659P.
 PR 28-SEP-1999; 99US-0156458P.
 PR 29-SEP-1999; 99US-0156596P.
 PR 04-OCT-1999; 99US-0157117P.
 PR 05-OCT-1999; 99US-0157753P.
 PR 06-OCT-1999; 99US-0157865P.
 PR 07-OCT-1999; 99US-0158029P.
 PR 08-OCT-1999; 99US-0158332P.
 PR 12-OCT-1999; 99US-0158369P.
 PR 13-OCT-1999; 99US-0159293P.
 PR 13-OCT-1999; 99US-0159294P.
 PR 13-OCT-1999; 99US-0159295P.
 PR 14-OCT-1999; 99US-0159329P.
 PR 14-OCT-1999; 99US-0159330P.
 PR 14-OCT-1999; 99US-0159331P.
 PR 14-OCT-1999; 99US-0159637P.
 PR 14-OCT-1999; 99US-0159638P.
 PR 18-OCT-1999; 99US-0159584P.
 PR 21-OCT-1999; 99US-0160741P.
 PR 21-OCT-1999; 99US-0160767P.
 PR 21-OCT-1999; 99US-0160768P.
 PR 21-OCT-1999; 99US-0160770P.
 PR 21-OCT-1999; 99US-0160814P.
 PR 21-OCT-1999; 99US-0160815P.
 PR 22-OCT-1999; 99US-0160980P.
 PR 22-OCT-1999; 99US-0160981P.
 PR 22-OCT-1999; 99US-0160989P.
 PR 22-OCT-1999; 99US-0161404P.
 PR 25-OCT-1999; 99US-0161405P.
 PR 25-OCT-1999; 99US-0161406P.
 PR 25-OCT-1999; 99US-0161359P.
 PR 26-OCT-1999; 99US-0161360P.
 PR 26-OCT-1999; 99US-0161361P.
 PR 28-OCT-1999; 99US-0161920P.
 PR 28-OCT-1999; 99US-0161922P.
 PR 28-OCT-1999; 99US-0161993P.
 PR 29-OCT-1999; 99US-0162142P.

Query Match 96.5%; Score 1769.2; DB 3; Length 1835;

Best Local Similarity 98.5%; Pred. No. 0; Mismatches 23; Indels 4; Gaps 1;

Matches 1797; Conservative 0;

QY 5 TTGAAAAAAGCGCATTAACCGAAGCATCAAGCAACAAAAAAGAGAGAGAG 64
 DB 16 TTGAAAAAAGCGCATTAACCGAAGCATCAAGCAACAAAAAAGAGAGAGAG 71
 QY 65 AATTAATTTTGTGTTGTTTCAAAAAAATCTTGAATTTTATGGAACCCGT 124
 DB 72 AATTTTGTGTTTGTGTTTCAAAAAAATCTTGAATTTTATGGAACCCGT 131
 QY 125 CTCTCCGAAACAACTTATCCGCGATCTTACCGTTTACCCGCTTTACCCGCTGGGT 184
 DB 132 CTCTCCGAAACAACTTATCCGCGATCTTACCGTTTACCCGCTTTACCCGCTGGGT 191

QY 185 CTTCCACCGTGAATGCTTCAACCGCGCTGTCGCCGAGATTTCTCTTTGAGACAA 244
 DB 192 CTTCCACCGTGAATGCTTCAACCGCGCTGTCGCCGAGATTTCTCTTTGAGACAA 251
 QY 245 GACACCGAACCCTTTTCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAAC 304
 DB 252 GACACCGAACCCTTTTCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAAC 311
 QY 305 CTCTCCGATTAACCGCTTTTCTCTCTATCCCACTGATCTCTCTCTCTCTCT 364
 DB 312 CTCTCCGATTAACCGCTTTTCTCTCTATCCCACTGATCTCTCTCTCTCTCT 371
 QY 365 GCCGTGTCATCGCGCGGATAGTCTCTATGTCGACCTTGAAGAGCGTGGTCA 424
 DB 372 GCCGTGTCATCGCGCGGATAGTCTCTATGTCGACCTTGAAGAGCGTGGTCA 431
 QY 425 TCTTAATTTTGAACCTTCTGAGAGCGCGGATGTTTGGGCTTGAAGAGTACG 484
 DB 432 TCTTAATTTTGAACCTTCTGAGAGCGCGGATGTTTGGGCTTGAAGAGTACG 491
 QY 485 TTTTATGACCAATTTTGGCGCGGTGAAGATGCCAGCGCGCTGAGCGCTGAGAC 544
 DB 492 TTTTATGACCAATTTTGGCGCGGTGAAGATGCCAGCGCGCTGAGCGCTGAGAC 551
 QY 545 GTTTATGACCAATTTTGGCGCGGTGAAGATGCCAGCGCGCTGAGCGCTGAGAC 604
 DB 552 GTTTATGACCAATTTTGGCGCGGTGAAGATGCCAGCGCGCTGAGCGCTGAGAC 611
 QY 605 GCTGTATCTGTGATGATTAATCATGCAACATTCATTCGAACTTGCATTC 664
 DB 612 GCTGTATCTGTGATGATTAATCATGCAACATTCATTCGAACTTGCATTC 671
 QY 665 TTACCAATCTCACTTACCTGATGCTGTTGTGAAGTAACTCCCATTTTCCAA 724
 DB 672 TTACCAATCTCACTTACCTGATGCTGTTGTGAAGTAACTCCCATTTTCCAA 731
 QY 725 CTTCTGAAGAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 784
 DB 732 CTTCTGAAGAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAG 791
 QY 785 TCAATGAAGTCAATGCTTCCGCTTTTCCGATGATGCTCTCTCAACCAAC 844
 DB 792 TCAATGAAGTCAATGCTTCCGCTTTTCCGATGATGCTCTCTCAACCAAC 851
 QY 845 TCAATGAAGTCAATGCTTCCGCTTTTCCGATGATGCTCTCTCAACCAAC 904
 DB 852 TCAATGAAGTCAATGCTTCCGCTTTTCCGATGATGCTCTCTCAACCAAC 911
 QY 905 ATTCAAGAAATCTGTAAGAAATGCCAAGATCCATGATGATGATGATGATG 964
 DB 912 ATTCAAGAAATCTGTAAGAAATGCCAAGATCCATGATGATGATGATGATG 971
 QY 965 GACCAATCTTCCCAACCGCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1024
 DB 972 GACCAATCTTCCCAACCGCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1031
 QY 1025 GCTGCAAGACCGAATGCTTCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAAC 1084
 DB 1032 GCTGCAAGACCGAATGCTTCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAAC 1091
 QY 1085 GAGAGATCTGATTTGGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1144
 DB 1092 GAGAGATCTGATTTGGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1151
 QY 1145 TTGCTGAGAGGAGCTTCAATGCTTCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAAC 1204
 DB 1152 TTGCTGAGAGGAGCTTCAATGCTTCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAAC 1211
 QY 1205 TCGCAGTTCACAGACAACTTCAAGATCTCACTCTTGTATGATGATGATGAT 1264
 DB 1212 TCGCAGTTCACAGACAACTTCAAGATCTCACTCTTGTATGATGATGATGAT 1271

```
QY 1265 CTGATGAGAAAGCATCAACCGTTCTGTTGGTGTCTCTCCGACACATACCGT 1324
DB 1272 CTGATGAGAAAGCATCAACCGTTCTGTTGGTGTCTCTCCGACACATACCGT 1331
QY 1325 GATTCGGGGAGACTGTGGAGAGAAAGCAGTGAACCTCGGATTCATTAACAGACGG 1384
DB 1332 GATTCGGGGAGACTGTGGAGAGAAAGCAGTGAACCTCGGATTCATTAACAGACGG 1391
QY 1385 AAGATGAGTTTGACAGCTATATGTATGTCAATGATGATTTGCTTGGGTTAAAGCA 1444
DB 1392 AAGATGAGTTTGACAGCTATATGTATGTCAATGATGATTTGCTTGGGTTAAAGCA 1451
QY 1445 GCAGGTTCAATGTTACAGTATCATGCCGTTGACACCGTGGACCGGTATACCGTAT 1504
DB 1452 GCCGGTTCAATGTTACAGTATCATGCCGTTGACACCGTGGACCGGTATACCGTAT 1511
QY 1505 CTCTCCGACGCGCTTATGAGAACCGGGGAATGATGACACCGAGCTCATGACCGTCAA 1564
DB 1512 CTCTCCGACGCGCTTATGAGAACCGGGGAATGATGACACCGAGCTCATGACCGTCAA 1571
QY 1565 CTCTGAGAGATGAACTTAAAGAGATTAATCCCGGGATTTGGTAAAGAGAGATG 1624
DB 1572 CTCTGAGAGATGAACTTAAAGAGATTAATCCCGGGATTTGGTAAAGAGAGATG 1631
QY 1625 GAGCCATTAATGAATTTGGGAATGTAGATGAATTAATTTCTTATGTAGTTAAGA 1684
DB 1632 GAGCCATTAATGAATTTGGGAATGTAGATGAATTAATTTCTTATGTAGTTAAGA 1691
QY 1685 ATTGAAAACAAAATTTAATTAATTAAGAAATGAGTGGTGAACCTTCCCTGTGCTA 1744
DB 1692 ATTGAAAACAAAATTTAATTAATTAAGAAATGAGTGGTGAACCTTCCCTGTGCTA 1751
QY 1745 AATATTTTCAAGGAGCTATGTTTACTATCATATATCATTCACAATGATATTC 1804
DB 1752 AATATTTTCAAGGAGCTATGTTTACTATCATATATCATTCACAATGATATTC 1811
QY 1805 ACCTTATCAATTAATGATGCTTTT 1828
DB 1812 ACCTTATCAATTAATGATGCTTTT 1835

RESULT 3
AAC41972
ID AAC41972 standard; DNA; 1844 BP.
AC
XX AAC41972;
XX
DT 17-OCT-2000 (first entry)
XX
DE Arabidopsis thaliana DNA fragment SEQ ID NO: 33816.
XX
KW Hybridisation assay; genetic mapping; gene expression control;
KW protein identification; signal transduction pathway; metabolic pathway;
KW promoter; termination sequence; ss.
XX
OS Arabidopsis thaliana.
XX
PN EP1033405-A2.
XX
PD 06-SEP-2000.
XX
PF 25-FEB-2000; 2000EP-00301439.
XX
PR 25-FEB-1999; 99US-0121825F.
PR 05-MAR-1999; 99US-0123180F.
PR 09-MAR-1999; 99US-0123548F.
PR 23-MAR-1999; 99US-0125788F.
PR 25-MAR-1999; 99US-0126264F.
PR 29-MAR-1999; 99US-0126785F.
PR 01-APR-1999; 99US-0127462F.
PR 06-APR-1999; 99US-0128234F.
PR 08-APR-1999; 99US-0128714F.
PR 16-APR-1999; 99US-0129845F.
PR 19-APR-1999; 99US-0130077F.
PR 21-APR-1999; 99US-0130044F.
PR 23-APR-1999; 99US-0130510F.
PR 28-APR-1999; 99US-0130891F.
PR 30-APR-1999; 99US-0131449F.
PR 30-APR-1999; 99US-0132048F.
PR 04-MAY-1999; 99US-0132407F.
PR 05-MAY-1999; 99US-0132484F.
PR 06-MAY-1999; 99US-0132485F.
PR 06-MAY-1999; 99US-0132486F.
PR 07-MAY-1999; 99US-0132487F.
PR 11-MAY-1999; 99US-0132563F.
PR 14-MAY-1999; 99US-0134218F.
PR 14-MAY-1999; 99US-0134219F.
PR 14-MAY-1999; 99US-0134221F.
PR 14-MAY-1999; 99US-0134370F.
PR 18-MAY-1999; 99US-0134768F.
PR 19-MAY-1999; 99US-0134941F.
PR 20-MAY-1999; 99US-0135124F.
PR 21-MAY-1999; 99US-0135353F.
PR 24-MAY-1999; 99US-0135629F.
PR 25-MAY-1999; 99US-0136021F.
PR 27-MAY-1999; 99US-0136392F.
PR 28-MAY-1999; 99US-0136782F.
PR 01-JUN-1999; 99US-0137222F.
PR 03-JUN-1999; 99US-0137528F.
PR 04-JUN-1999; 99US-0137502F.
PR 07-JUN-1999; 99US-0137724F.
PR 08-JUN-1999; 99US-0138094F.
PR 10-JUN-1999; 99US-0138540F.
PR 10-JUN-1999; 99US-0138547F.
PR 14-JUN-1999; 99US-0139119F.
PR 16-JUN-1999; 99US-0139452F.
PR 16-JUN-1999; 99US-0139453F.
PR 17-JUN-1999; 99US-0139492F.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139454F.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139455F.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139456F.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139457F.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139458F.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139459F.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139460F.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139461F.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139462F.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139463F.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139750F.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139750F.
PR 21-JUN-1999; 99US-0139817F.
PR 22-JUN-1999; 99US-0139899F.
PR 23-JUN-1999; 99US-0140353F.
PR 23-JUN-1999; 99US-0140354F.
PR 23-JUN-1999; 99US-0140355F.
PR 24-JUN-1999; 99US-0140695F.
PR 28-JUN-1999; 99US-0140823F.
PR 29-JUN-1999; 99US-0140911F.
PR 30-JUN-1999; 99US-0141287F.
PR 01-JUL-1999; 99US-0141842F.
PR 01-JUL-1999; 99US-0142154F.
PR 02-JUL-1999; 99US-0142055F.
PR 06-JUL-1999; 99US-0142390F.
PR 08-JUL-1999; 99US-0142803F.
PR 09-JUL-1999; 99US-0142920F.
PR 12-JUL-1999; 99US-0142977F.
PR 13-JUL-1999; 99US-0143542F.
PR 14-JUL-1999; 99US-0143624F.
PR 15-JUL-1999; 99US-0144005F.
PR 16-JUL-1999; 99US-0144085F.
PR 16-JUL-1999; 99US-0144086F.
PR 19-JUL-1999; 99US-0144325F.
PR 19-JUL-1999; 99US-0144331F.
PR 19-JUL-1999; 99US-0144332F.
PR 19-JUL-1999; 99US-0144333F.
PR 19-JUL-1999; 99US-0144334F.
```

PR 19-JUL-1999; 99US-0144335P.
 PR 20-JUL-1999; 99US-0144352P.
 PR 20-JUL-1999; 99US-0144632P.
 PR 20-JUL-1999; 99US-0144884P.
 PR 21-JUL-1999; 99US-0144814P.
 PR 21-JUL-1999; 99US-0145086P.
 PR 21-JUL-1999; 99US-0145088P.
 PR 22-JUL-1999; 99US-0145085P.
 PR 22-JUL-1999; 99US-0145087P.
 PR 22-JUL-1999; 99US-0145089P.
 PR 22-JUL-1999; 99US-0145192P.
 PR 23-JUL-1999; 99US-0145145P.
 PR 23-JUL-1999; 99US-0145218P.
 PR 23-JUL-1999; 99US-0145224P.
 PR 26-JUL-1999; 99US-0145276P.
 PR 27-JUL-1999; 99US-0145313P.
 PR 27-JUL-1999; 99US-0145918P.
 PR 27-JUL-1999; 99US-0145919P.
 PR 28-JUL-1999; 99US-0145951P.
 PR 02-AUG-1999; 99US-0146386P.
 PR 02-AUG-1999; 99US-0146389P.
 PR 02-AUG-1999; 99US-0146389P.
 PR 03-AUG-1999; 99US-0147038P.
 PR 04-AUG-1999; 99US-0147204P.
 PR 04-AUG-1999; 99US-0147302P.
 PR 05-AUG-1999; 99US-0147320P.
 PR 05-AUG-1999; 99US-0147260P.
 PR 06-AUG-1999; 99US-0147303P.
 PR 06-AUG-1999; 99US-0147416P.
 PR 09-AUG-1999; 99US-0147493P.
 PR 09-AUG-1999; 99US-0147935P.
 PR 10-AUG-1999; 99US-0148171P.
 PR 11-AUG-1999; 99US-0148319P.
 PR 12-AUG-1999; 99US-0148341P.
 PR 13-AUG-1999; 99US-0148565P.
 PR 13-AUG-1999; 99US-0148684P.
 PR 16-AUG-1999; 99US-0149348P.
 PR 17-AUG-1999; 99US-0149175P.
 PR 18-AUG-1999; 99US-0149466P.
 PR 20-AUG-1999; 99US-0149722P.
 PR 20-AUG-1999; 99US-0149723P.
 PR 20-AUG-1999; 99US-0149929P.
 PR 23-AUG-1999; 99US-0149902P.
 PR 23-AUG-1999; 99US-0149930P.
 PR 25-AUG-1999; 99US-0150566P.
 PR 26-AUG-1999; 99US-0150884P.
 PR 27-AUG-1999; 99US-0151065P.
 PR 27-AUG-1999; 99US-0151066P.
 PR 27-AUG-1999; 99US-0151080P.
 PR 30-AUG-1999; 99US-0151303P.
 PR 31-AUG-1999; 99US-0151348P.
 PR 01-SEP-1999; 99US-0151930P.
 PR 07-SEP-1999; 99US-0152363P.
 PR 10-SEP-1999; 99US-0153070P.
 PR 13-SEP-1999; 99US-0153758P.
 PR 15-SEP-1999; 99US-0154018P.
 PR 16-SEP-1999; 99US-0154039P.
 PR 20-SEP-1999; 99US-0154779P.
 PR 22-SEP-1999; 99US-0155139P.
 PR 23-SEP-1999; 99US-0155486P.
 PR 24-SEP-1999; 99US-0155659P.
 PR 28-SEP-1999; 99US-0156458P.
 PR 29-SEP-1999; 99US-0156596P.
 PR 04-OCT-1999; 99US-0157117P.
 PR 05-OCT-1999; 99US-0157753P.
 PR 06-OCT-1999; 99US-0157865P.
 PR 07-OCT-1999; 99US-0158029P.
 PR 08-OCT-1999; 99US-0158232P.
 PR 12-OCT-1999; 99US-0158369P.
 PR 13-OCT-1999; 99US-0159293P.
 PR 13-OCT-1999; 99US-0159298P.
 PR 13-OCT-1999; 99US-0159298P.
 PR 14-OCT-1999; 99US-0159329P.

PR 14-OCT-1999; 99US-0159330P.
 PR 14-OCT-1999; 99US-0159331P.
 PR 14-OCT-1999; 99US-0159637P.
 PR 14-OCT-1999; 99US-0159638P.
 PR 18-OCT-1999; 99US-0159584P.
 PR 21-OCT-1999; 99US-0160741P.
 PR 21-OCT-1999; 99US-0160767P.
 PR 21-OCT-1999; 99US-0160768P.
 PR 21-OCT-1999; 99US-0160770P.
 PR 21-OCT-1999; 99US-0160814P.
 PR 21-OCT-1999; 99US-0160815P.
 PR 22-OCT-1999; 99US-0160980P.
 PR 22-OCT-1999; 99US-0160981P.
 PR 22-OCT-1999; 99US-0160989P.
 PR 25-OCT-1999; 99US-0161404P.
 PR 25-OCT-1999; 99US-0161405P.
 PR 25-OCT-1999; 99US-0161406P.
 PR 26-OCT-1999; 99US-0161359P.
 PR 26-OCT-1999; 99US-0161360P.
 PR 26-OCT-1999; 99US-0161361P.
 PR 28-OCT-1999; 99US-0161920P.
 PR 28-OCT-1999; 99US-0161922P.
 PR 28-OCT-1999; 99US-0161933P.
 PR 29-OCT-1999; 99US-0162142P.

Query Match 96.3%; Score 1764.8; DB 3; Length 1844;
 Best Local Similarity 98.5%; Pred. No. 0;
 Matches 1803; Conservative 0; Mismatches 22; Indels 5; Gaps 2;

5 TTTGAAAAAACAAGCATTAACCGAATCAAGCAAAACAAAAAGAGAGA 64
 16 TTGAAAAAACAAGCATTAACCGAATCAAGCAAAACAAAAAGAGAGA 71
 65 AATATATTTTGTGTTTGTGTTTCAAAAAAATCTTGAATTTATGCAACCGT 124
 72 AATTTTGTGTTTGTGTTTGTGTTTCAAAAAAATCTTGAATTTATGCAACCGT 131
 125 CTTCCTCGAACAACCTTATCCGCGCATCTTACCGCTTTAGCCGGTGGT 184
 132 CTTCCTCGAACAACCTTATCCGCGCATCTTACCGCTTTAGCCGGTGGT 191
 185 CCTCCACCGGATGCTGCTCCACCGCGCTGCTCCGAGATCTCTCTTTGACA 244
 192 CTTCCACCGGATGCTGCTCCACCGCGCTGCTCCGAGATCTCTCTTTGACA 251
 245 GCACCGGACCACTCTTCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCA 304
 252 GCACCGGACCACTCTTCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCA 311
 305 CTCTCCGATCAAGCCGCTTTCTCTATCCCAACCTGTATCTCTCCGTTCCAC 364
 312 CTCTCCGATCAAGCCGCTTTCTCTATCCCAACCTGTATCTCTCCGTTCCAC 371
 365 GCCGTGTCATGCGCGCGGAGATGCTCTATGTCATCTAGGAGAGTGGTCA 424
 372 GCCGTGTCATGCGCGCGGAGATGCTCTATGTCATCTAGGAGAGTGGTCA 431
 425 TCTAACTTGAAGCGCTGTCATGTCATGTCATGTCATGTCATGTCATGTCAT 484
 432 TCTAACTTGAAGCGCTGTCATGTCATGTCATGTCATGTCATGTCATGTCAT 491
 485 TTTTATGACATTTTGGCGCGGATGTCATGTCATGTCATGTCATGTCATGTCAT 544
 492 TTTTATGACATTTTGGCGCGGATGTCATGTCATGTCATGTCATGTCATGTCAT 551
 545 GTTTATGAGTACTGCTTAAAGGATGTCATGTCATGTCATGTCATGTCATGTCAT 604
 552 GTTTATGAGTACTGCTTAAAGGATGTCATGTCATGTCATGTCATGTCATGTCAT 611
 605 GCTGTATCTTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 664
 612 GCTGTATCTTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 671

QY 665 TTACCAACATCTCACTTTAGCTCAGTGGTGTGAAGATAAATGCGCATTTGTCCAAATAGT 724
Db 672 TTACCAACATCTCACTTTAGCTCAGTGGTGTGAAGATAAATGCGCATTTGTCCAAATAGT 731
QY 725 CTTCTGAAACGAGTGAAGGATCTCTGCGGTGGGAATACAAAAGTCCGAATCTCAAACTC 784
Db 732 CTTCTGAAACGAGTGAAGGATCTCTGCGGTGGGAATACAAAAGTCCGAATCTCAAACTC 791
QY 785 TCATGGAAGCTCAAAATCGTTTCCGGTTTCTCCGAATCGAGTCTCTCTACCAACACAAAC 844
Db 792 TCATGGAAGCTCAAAATCGTTTCCGGTTTCTCCGAATCGAGTCTCTCTACCAACACAAAC 851
QY 845 TCAGAACCGGAACCGTTAAACCGCGGAAGAAAGAGAGCTCGAAGCAGCTCATGGAAG 904
Db 852 TCAGAACCGGAACCGTTAAACCGCGGAAGAAAGAGAGCTCGAAGCAGCTCATGGAAG 911
QY 905 ATTCAGGAATCTGTAGGAATGCC-AAGAGTCAATGTACCATTTGTTGATGTATGCGGA 963
Db 912 ATTCAGGAATCTGTAGGAATGCCAAGAGTCCAAATGTACCATTTGTTGATGTATGCGGA 971
QY 964 AGACACAATCTCCAAACCGCGGATCGATTACATGGCTTATTCATCGCGGATCATGTTCAA 1023
Db 972 AGACACAATCTCCAAACCGCGGATCGATTACATGGCTTATTCATCGCGGATCATGTTCAA 1031
QY 1024 TGCTGACAAAGACCGAACCAATCGTTTACACACAGTTCAGCGTACTTGAGAGCGCGG 1083
Db 1032 TGCTGACAAAGACCGAACCAATCGTTTACACACAGTTCAGCGTACTTGAGAGCGCGG 1091
QY 1084 TGAGAGACTGCATTTGGCAGTACAAAATGCTTGAGAAAGAGAAATCTCTATGGGGTTCAA 1143
Db 1092 TGAGAGACTGCATTTGGCAGTACAAAATGCTTGAGAAAGAGAAATCTCTATGGGGTTCAA 1151
QY 1144 GTTGTGAGAGGGGTTACATGCTAGCGAAGCTAGTTCGCGGATTCCTCTGGTTGCAA 1203
Db 1152 GTTGTGAGAGGGGTTACATGCTAGCGAAGCTAGTTCGCGGATTCCTCTGGTTGCAA 1211
QY 1204 GTCCGCACTCCACGACACAATTCAGGATPACTCACTCTGTTTACAAATGATGTACAT 1263
Db 1212 GTCCGCACTCCACGACACAATTCAGGATPACTCACTCTGTTTACAAATGATGTACAT 1271
QY 1264 CTTGATGAGAAAGCATCAACCGTTCTGGTTTGGTGTGCTTCGCAACACATAACGC 1323
Db 1272 CTTGATGAGAAAGCATCAACCGTTCTGGTTTGGTGTGCTTCGCAACACATAACGC 1331
QY 1324 TGAATCGGGGAGACTTGGCTCGAAGAGAGAGTGAAGTGGGATCGATTAACACAGACGG 1383
Db 1332 TGAATCGGGGAGACTTGGCTCGAAGAGAGAGTGAAGTGGGATCGATTAACACAGACGG 1391
QY 1384 GAAAGATAGATTTGCACAGCTATATGGTATGTCAGATGCTATGTCCTTGGGTTTAAAGAG 1443
Db 1392 GAAAGATAGATTTGCACAGCTATATGGTATGTCAGATGCTATGTCCTTGGGTTTAAAGAG 1451
QY 1444 AGCAGGGTTCAATGTTAGCAAGTACATCCGTTTGGACCGTTCGCAACCGTATACCGTA 1503
Db 1452 AGCAGGGTTCAATGTTAGCAAGTACATCCGTTTGGACCGTTCGCAACCGTATACCGTA 1511
QY 1504 TCTTCTCCGACCGCTTATGAGAACCGGGGATGATGCGCCAGCTCATGACCGTCA 1563
Db 1512 TCTTCTCCGACCGCTTATGAGAACCGGGGATGATGCGCCAGCTCATGACCGTCA 1571
QY 1564 ACTCATAGGATGGAATTAAGAGAGATTAATCGCCGGGATTCGTAAGAGAGAGATAT 1623
Db 1572 ACTCATAGGATGGAATTAAGAGAGATTAATCGCCGGGATTCGTAAGAGAGAGATAT 1631
QY 1624 GGAGCCATTAAATGAAATGGGAATGATGATGATTAATTTCTTCTATGTAGTTTAAAG 1683
Db 1632 GGAGCCATTAAATGAAATGGGAATGATGATGATTAATTTCTTCTATGTAGTTTAAAG 1691
QY 1684 AATTGAAACAAAAATTAATAATAAGAAATGGAGTGGTAAAGACATTTCTGTGGCT 1743
Db 1692 AATTGAAACAAAAATTAATAATAAGAAATGGAGTGGTAAAGACATTTCTGTGGCT 1751
QY 1744 AATATTTTTCATGAGGAGTATGTTTATCTATCATATATATCATCAATGTATAT 1803

Db 1752 AATATTTTTCATGAGGAGTATGTTTATCTATCATATATATCATCAATGTATAT 1811
QY 1804 CACCTTATCAATAAATAAATGCTTTTACTTT 1833
Db 1812 CACCTTATCAATAAATAAATGCTTTTACTTT 1841
RESULT 4
AAC42169
ID AAC42169 standard; DNA; 1837 BP.
XX AAC42169;
DT 17-OCT-2000 (first entry)
XX
DE Arabidopsis thaliana DNA fragment SEQ ID NO: 34546.
XX
KW Hybridisation assay; genetic mapping; gene expression control;
KW protein identification; signal transduction pathway; metabolic pathway;
KW promoter; termination sequence; ss.
XX
OS Arabidopsis thaliana.
XX
PN EP1033405-A2.
XX
PD 06-SEP-2000.
XX
PF 25-FEB-2000; 2000EP-00301439.
XX
PR 25-FEB-1999; 99US-0121825P.
PR 05-MAR-1999; 99US-0123180P.
PR 09-MAR-1999; 99US-0123548P.
PR 23-MAR-1999; 99US-0125788P.
PR 25-MAR-1999; 99US-0126264P.
PR 29-MAR-1999; 99US-0126785P.
PR 01-APR-1999; 99US-0127462P.
PR 06-APR-1999; 99US-0128234P.
PR 08-APR-1999; 99US-0128714P.
PR 16-APR-1999; 99US-0128845P.
PR 19-APR-1999; 99US-0130077P.
PR 21-APR-1999; 99US-0130449P.
PR 23-APR-1999; 99US-0130510P.
PR 23-APR-1999; 99US-0130891P.
PR 28-APR-1999; 99US-0131449P.
PR 30-APR-1999; 99US-0132048P.
PR 30-APR-1999; 99US-0132407P.
PR 04-MAY-1999; 99US-0132484P.
PR 05-MAY-1999; 99US-0132485P.
PR 06-MAY-1999; 99US-0132486P.
PR 06-MAY-1999; 99US-0132487P.
PR 07-MAY-1999; 99US-0132863P.
PR 11-MAY-1999; 99US-0134256P.
PR 14-MAY-1999; 99US-0134218P.
PR 14-MAY-1999; 99US-0134219P.
PR 14-MAY-1999; 99US-0134221P.
PR 14-MAY-1999; 99US-0134370P.
PR 18-MAY-1999; 99US-0134768P.
PR 19-MAY-1999; 99US-0134941P.
PR 20-MAY-1999; 99US-0135124P.
PR 21-MAY-1999; 99US-0135353P.
PR 24-MAY-1999; 99US-0135629P.
PR 25-MAY-1999; 99US-0136021P.
PR 27-MAY-1999; 99US-0136392P.
PR 28-MAY-1999; 99US-0136782P.
PR 01-JUN-1999; 99US-0137222P.
PR 03-JUN-1999; 99US-0137528P.
PR 04-JUN-1999; 99US-0137502P.
PR 07-JUN-1999; 99US-0137724P.
PR 08-JUN-1999; 99US-0138094P.
PR 10-JUN-1999; 99US-0138540P.
PR 10-JUN-1999; 99US-0138847P.
PR 14-JUN-1999; 99US-0139119P.

PR 23-MAR-1999; 99US-0125788P.
PR 25-MAR-1999; 99US-0126264P.
PR 29-MAR-1999; 99US-0126785P.
PR 01-APR-1999; 99US-0127462P.
PR 06-APR-1999; 99US-0128234P.
PR 08-APR-1999; 99US-0128714P.
PR 16-APR-1999; 99US-0129845P.
PR 19-APR-1999; 99US-0130077P.
PR 21-APR-1999; 99US-0130449P.
PR 23-APR-1999; 99US-0130610P.
PR 23-APR-1999; 99US-0130891P.
PR 28-APR-1999; 99US-0131449P.
PR 30-APR-1999; 99US-0132048P.
PR 30-APR-1999; 99US-0132407P.
PR 04-MAY-1999; 99US-0132484P.
PR 05-MAY-1999; 99US-0132485P.
PR 06-MAY-1999; 99US-0132486P.
PR 06-MAY-1999; 99US-0132487P.
PR 07-MAY-1999; 99US-0132863P.
PR 11-MAY-1999; 99US-0134256P.
PR 14-MAY-1999; 99US-0134218P.
PR 14-MAY-1999; 99US-0134219P.
PR 14-MAY-1999; 99US-0134221P.
PR 14-MAY-1999; 99US-0134370P.
PR 18-MAY-1999; 99US-0134768P.
PR 19-MAY-1999; 99US-0134941P.
PR 20-MAY-1999; 99US-0135124P.
PR 21-MAY-1999; 99US-0135353P.
PR 24-MAY-1999; 99US-0135629P.
PR 25-MAY-1999; 99US-0136021P.
PR 27-MAY-1999; 99US-0136392P.
PR 28-MAY-1999; 99US-0136782P.
PR 01-JUN-1999; 99US-0137222P.
PR 04-JUN-1999; 99US-0137502P.
PR 07-JUN-1999; 99US-0137724P.
PR 08-JUN-1999; 99US-0138094P.
PR 10-JUN-1999; 99US-0138540P.
PR 10-JUN-1999; 99US-0138847P.
PR 14-JUN-1999; 99US-0139119P.
PR 16-JUN-1999; 99US-0139452P.
PR 16-JUN-1999; 99US-0139453P.
PR 17-JUN-1999; 99US-0139452P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139454P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139455P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139456P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139457P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139458P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139459P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139460P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139461P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139462P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139463P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139463P.
PR 18-JUN-1999; 99US-0139763P.
PR 21-JUN-1999; 99US-0139817P.
PR 21-JUN-1999; 99US-0139899P.
PR 23-JUN-1999; 99US-0140353P.
PR 23-JUN-1999; 99US-0140354P.
PR 24-JUN-1999; 99US-0140652P.
PR 28-JUN-1999; 99US-0140823P.
PR 29-JUN-1999; 99US-0140991P.
PR 30-JUN-1999; 99US-0141287P.
PR 01-JUL-1999; 99US-0141842P.
PR 01-JUL-1999; 99US-0142154P.
PR 02-JUL-1999; 99US-0142055P.
PR 06-JUL-1999; 99US-0142330P.
PR 08-JUL-1999; 99US-0142803P.
PR 09-JUL-1999; 99US-0142920P.
PR 12-JUL-1999; 99US-0142977P.
PR 13-JUL-1999; 99US-0143542P.
PR 14-JUL-1999; 99US-0143624P.
PR 15-JUL-1999; 99US-0144005P.

PR 16-JUL-1999; 99US-0144085P.
PR 16-JUL-1999; 99US-0144086P.
PR 19-JUL-1999; 99US-0144325P.
PR 19-JUL-1999; 99US-0144331P.
PR 19-JUL-1999; 99US-0144332P.
PR 19-JUL-1999; 99US-0144333P.
PR 19-JUL-1999; 99US-0144334P.
PR 19-JUL-1999; 99US-0144335P.
PR 20-JUL-1999; 99US-0144352P.
PR 20-JUL-1999; 99US-0144632P.
PR 20-JUL-1999; 99US-0144884P.
PR 21-JUL-1999; 99US-0144814P.
PR 21-JUL-1999; 99US-0145086P.
PR 21-JUL-1999; 99US-0145088P.
PR 22-JUL-1999; 99US-0145087P.
PR 22-JUL-1999; 99US-0145089P.
PR 22-JUL-1999; 99US-0145192P.
PR 23-JUL-1999; 99US-0145145P.
PR 23-JUL-1999; 99US-0145218P.
PR 23-JUL-1999; 99US-0145224P.
PR 26-JUL-1999; 99US-0145226P.
PR 27-JUL-1999; 99US-0145913P.
PR 27-JUL-1999; 99US-0145918P.
PR 27-JUL-1999; 99US-0145919P.
PR 28-JUL-1999; 99US-0145919P.
PR 02-AUG-1999; 99US-0146386P.
PR 02-AUG-1999; 99US-0146388P.
PR 02-AUG-1999; 99US-0146389P.
PR 03-AUG-1999; 99US-0147038P.
PR 04-AUG-1999; 99US-0147204P.
PR 04-AUG-1999; 99US-0147302P.
PR 05-AUG-1999; 99US-0147319P.
PR 05-AUG-1999; 99US-0147260P.
PR 06-AUG-1999; 99US-0147303P.
PR 06-AUG-1999; 99US-0147416P.
PR 09-AUG-1999; 99US-0147935P.
PR 10-AUG-1999; 99US-0148171P.
PR 11-AUG-1999; 99US-0148319P.
PR 12-AUG-1999; 99US-0148341P.
PR 13-AUG-1999; 99US-0148555P.
PR 13-AUG-1999; 99US-0148684P.
PR 16-AUG-1999; 99US-0149368P.
PR 17-AUG-1999; 99US-0149175P.
PR 18-AUG-1999; 99US-0149426P.
PR 20-AUG-1999; 99US-0149722P.
PR 20-AUG-1999; 99US-0149723P.
PR 20-AUG-1999; 99US-0149929P.
PR 23-AUG-1999; 99US-0149930P.
PR 25-AUG-1999; 99US-0150566P.
PR 26-AUG-1999; 99US-0150884P.
PR 27-AUG-1999; 99US-0151065P.
PR 27-AUG-1999; 99US-0151066P.
PR 27-AUG-1999; 99US-0151080P.
PR 30-AUG-1999; 99US-0151303P.
PR 31-AUG-1999; 99US-0151438P.
PR 01-SEP-1999; 99US-0151930P.
PR 07-SEP-1999; 99US-0152363P.
PR 10-SEP-1999; 99US-0153070P.
PR 13-SEP-1999; 99US-0153758P.
PR 15-SEP-1999; 99US-0154018P.
PR 16-SEP-1999; 99US-0154039P.
PR 20-SEP-1999; 99US-0154779P.
PR 22-SEP-1999; 99US-0155139P.
PR 23-SEP-1999; 99US-0155486P.
PR 24-SEP-1999; 99US-0155659P.
PR 28-SEP-1999; 99US-0156458P.
PR 29-SEP-1999; 99US-0156596P.
PR 04-OCT-1999; 99US-0157117P.
PR 05-OCT-1999; 99US-0157753P.
PR 06-OCT-1999; 99US-0157865P.

PR 07-OCT-1999; 99US-0158023P.
 PR 08-OCT-1999; 99US-0158233P.
 PR 12-OCT-1999; 99US-0158363P.
 PR 13-OCT-1999; 99US-0158293P.
 PR 13-OCT-1999; 99US-0158294P.
 PR 13-OCT-1999; 99US-0158295P.
 PR 14-OCT-1999; 99US-0159323P.
 PR 14-OCT-1999; 99US-0159330P.
 PR 14-OCT-1999; 99US-0159331P.
 PR 14-OCT-1999; 99US-0159337P.
 PR 14-OCT-1999; 99US-0159637P.
 PR 18-OCT-1999; 99US-0159584P.
 PR 21-OCT-1999; 99US-0160741P.
 PR 21-OCT-1999; 99US-0160767P.
 PR 21-OCT-1999; 99US-0160768P.
 PR 21-OCT-1999; 99US-0160770P.
 PR 21-OCT-1999; 99US-0160814P.
 PR 21-OCT-1999; 99US-0160815P.
 PR 22-OCT-1999; 99US-0160980P.
 PR 22-OCT-1999; 99US-0160981P.
 PR 22-OCT-1999; 99US-0160982P.
 PR 25-OCT-1999; 99US-0161404P.
 PR 25-OCT-1999; 99US-0161405P.
 PR 25-OCT-1999; 99US-0161406P.
 PR 26-OCT-1999; 99US-0161359P.
 PR 26-OCT-1999; 99US-0161360P.
 PR 26-OCT-1999; 99US-0161361P.
 PR 28-OCT-1999; 99US-0161920P.
 PR 28-OCT-1999; 99US-0161932P.
 PR 28-OCT-1999; 99US-0161933P.
 PR 29-OCT-1999; 99US-0162142P.

Query Match 91.7%; Score 1680.8; DB 3; Length 1687;
 Best Local Similarity 99.9%; Pred. No. 0;
 Matches 1682; Conservative 0; Mismatches 2; Indels 0; Gaps 0;

QY 150 GATCTTACCGCTTACCGCGTGTGAGCGGTCCTCCACCGTGCCTTCCACCG 209
 DB 1 GATCTTACCGCTTACCGCGTGTGAGCGGTCCTCCACCGTGCCTTCCACCG 60
 QY 210 CCGTGTGAGCGGTCCTCCACCGTGTGAGCGGTCCTCCACCGTGCCTTCCACCG 269
 DB 61 CCGTGTGAGCGGTCCTCCACCGTGTGAGCGGTCCTCCACCGTGCCTTCCACCG 120
 QY 270 CAAAACCGGTCCTCCACCGTGTGAGCGGTCCTCCACCGTGCCTTCCACCG 329
 DB 121 CAAAACCGGTCCTCCACCGTGTGAGCGGTCCTCCACCGTGCCTTCCACCG 180
 QY 330 CCGTGTGAGCGGTCCTCCACCGTGTGAGCGGTCCTCCACCGTGCCTTCCACCG 389
 DB 181 CCGTGTGAGCGGTCCTCCACCGTGTGAGCGGTCCTCCACCGTGCCTTCCACCG 240
 QY 390 GTCCTATGTCGACCTGAGGAGTCGATGAGCTTAACTTATGAGCGCTTCCGATG 449
 DB 241 GTCCTATGTCGACCTGAGGAGTCGATGAGCTTAACTTATGAGCGCTTCCGATG 300
 QY 450 CCGGTCGATGCTTTTAAAGGCTTGAAGAGTCTTTTATGACATTTTTCGCGCGGTG 509
 DB 301 CCGGTCGATGCTTTTAAAGGCTTGAAGAGTCTTTTATGACATTTTTCGCGCGGTG 360
 QY 510 AAGATGCGGTCGACCTGAGGCTGAGGAGTCTTATGAGAGCTTCTGATGAGTAAAG 569
 DB 361 AAGATGCGGTCGACCTGAGGCTGAGGAGTCTTATGAGAGCTTCTGATGAGTAAAG 420
 QY 570 GATGCTGCTTATGAGGCTGAGGAGTCTTATGAGAGTCTTATGAGAGTCTTATGAGTAAAG 629
 DB 421 GATGCTGCTTATGAGGCTGAGGAGTCTTATGAGAGTCTTATGAGAGTCTTATGAGTAAAG 480
 QY 630 AACATTCATTCGAGGAGTCTTATGAGGAGTCTTATGAGAGTCTTATGAGAGTCTTATGAGTAAAG 689
 DB 481 AACATTCATTCGAGGAGTCTTATGAGGAGTCTTATGAGAGTCTTATGAGAGTCTTATGAGTAAAG 540
 QY 690 TGGTTGAGAGTAACTGCGCATTTGTCCAAATTAATGCTTCTGAGAGAGTGAAGTCTGCG 749

DB 541 TGGTTGAGAGTAACTGCGCATTTGTCCAAATTAATGCTTCTGAGAGAGTGAAGTCTGCG 600
 QY 750 TGGGTCGAGATCAAAAGTCCGAACTTCAAACTCTCATGAGAGTCAAAATGCTTCCG 809
 DB 601 TGGGTCGAGATCAAAAGTCCGAACTTCAAACTCTCATGAGAGTCAAAATGCTTCCG 660
 QY 810 TTTTCTCCGATGAGTCCCTCTTACCAACAAGTCAAAACCGGAAACGTTTACCGCG 869
 DB 661 TTTTCTCCGATGAGTCCCTCTTACCAACAAGTCAAAACCGGAAACGTTTACCGCG 720
 QY 870 AAGAGAGAGAGTCTGAGAGGCTCATGAGAGTCAAGAAATCTGAGAAATGCG 929
 DB 721 AAGAGAGAGAGTCTGAGAGGCTCATGAGAGTCAAGAAATCTGAGAAATGCG 780
 QY 930 AAGAGTCCATGATCAATGCTTATGAGTGAAGAGAGTCAATCTTCCAAACCGGATG 989
 DB 781 AAGAGTCCATGATCAATGCTTATGAGTGAAGAGAGTCAATCTTCCAAACCGGATG 840
 QY 990 ATTACATGCTTATTCATGCGGATCATGCTTCAATGCTGACAAAGACCGATGCTT 1049
 DB 841 ATTACATGCTTATTCATGCGGATCATGCTTCAATGCTGACAAAGACCGATGCTT 900
 QY 1050 ACAACGATTCAGGCGTATCTTGAAGAGCGCGGTGAGAGTCAATTTGCGATGCAAA 1109
 DB 901 ACAACGATTCAGGCGTATCTTGAAGAGCGCGGTGAGAGTCAATTTGCGATGCAAA 960
 QY 1110 ATGCTGAGAGAGATGTTCCATGAGGCTTCAAGTGGTGAAGAGGCTTCAATGCTA 1169
 DB 961 ATGCTGAGAGAGATGTTCCATGAGGCTTCAAGTGGTGAAGAGGCTTCAATGCTA 1020
 QY 1170 GCGAGATGCTTGGGAGATCTTGGGATGAGAGTGGCAAGTCCAGACGACATTCAG 1229
 DB 1021 GCGAGATGCTTGGGAGATCTTGGGATGAGAGTGGCAAGTGGCAAGTTCAG 1080
 QY 1230 ATACATGCTTGTATCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1289
 DB 1081 ATACATGCTTGTATCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1140
 QY 1290 CTGCTTGGTGTGCTTCTGCAACAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1349
 DB 1141 CTGCTTGGTGTGCTTCTGCAACAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1200
 QY 1350 AAGCGATGATCTCGGAGTCAATTAACAGAGCGGAGTGAAGTTCGACGCTATATG 1409
 DB 1201 AAGCGATGATCTCGGAGTCAATTAACAGAGCGGAGTGAAGTTCGACGCTATATG 1260
 QY 1410 GTATGTCATGATGATGCTTCCGTTAAGAGAGCGGTTCAATGTTAGCAATGATCA 1469
 DB 1261 GTATGTCATGATGATGCTTCCGTTAAGAGAGCGGTTCAATGTTAGCAATGATCA 1320
 QY 1470 TGGCGTTGAGACCGTCCGACCGCTATACCGTATCTTCCGACCGCTTATGAGAAC 1529
 DB 1321 TGGCGTTGAGACCGTCCGACCGCTATACCGTATCTTCCGACCGCTTATGAGAAC 1380
 QY 1530 GGGGATGATGCGCACCGGAGTCAATGACCGTCACTGAGAGAGTCTTAAAGAGA 1589
 DB 1381 GGGGATGATGCGCACCGGAGTCAATGACCGTCACTGAGAGAGTCTTAAAGAGA 1440
 QY 1590 GATTAATCCCGGATGCGTAAAGAGAGTGAAGCATTAATGAATTTGGGAAT 1649
 DB 1441 GATTAATCCCGGATGCGTAAAGAGAGTGAAGCATTAATGAATTTGGGAAT 1500
 QY 1650 GTAGATGAATTAATTTCTTATGATGATTAAGAAATTTGAATTTTAAATTAATA 1709
 DB 1501 GTAGATGAATTAATTTCTTATGATGATTAAGAAATTTGAATTTTAAATTAATA 1560
 QY 1710 AGAAATGAGTGAAGTGAAGATTTCTGCTGCTAATTTTTCATGAGGAGTATGTT 1769
 DB 1561 AGAAATGAGTGAAGTGAAGATTTCTGCTGCTAATTTTTCATGAGGAGTATGTT 1620
 QY 1770 TTTACTATGATATATCATTCACAAATGATATTCACCTTATCAATTAATTAATGCTTTTA 1829

Db 1261 AACGAGACGGAGATAGATTGACAGCTATATGATGTCATGATTCCTTC 1320
Qy 1433 GGGTTAAAGAGAGAGGTTCAATGTTAGCAAGTACATGCCGTTTGAACCCGTCGCAAC 1492
Db 1321 GGGTTAAAGAGAGAGGTTCAATGTTAGCAAGTACATGCCGTTTGAACCCGTCGCAAC 1380
Qy 1493 GCTATACCGTATCTTCTCCGACGCGCTTATGAGAACCGGGGAAATGATGCGACCGAGCT 1552
Db 1381 GCTATACCGTATCTTCTCCGACGCGCTTATGAGAACCGGGGAAATGATGCGACCGAGCT 1440
Qy 1553 CATGACCGTCACTCATGAGAGTGAACCTTAAGAGAGATTAATGCCGGGATTTGGTAA 1612
Db 1441 CATGACCGTCACTCATGAGAGTGAACCTTAAGAGAGATTAATGCCGGGATTTGGTAA 1500

RESULT 7
AB213606
ID AB213606 standard; DNA; 1461 BP.
XX
AC AB213606;
XX
DT 21-JAN-2003 (first entry)
XX
DE Arabidopsis thaliana stress regulated gene SEQ ID NO 1411.
XX
KW Arabidopsis thaliana; plant; gene; stress; transgenic; ds.
XX
OS Arabidopsis thaliana.
XX
MN W0200216655-A2.
XX
PD 28-FEB-2002.
XX
PF 24-AUG-2001; 2001WO-US026685.
XX
PR 24-AUG-2000; 2000US-0227866P.
PR 26-JAN-2001; 2001US-0264647P.
PR 22-JUN-2001; 2001US-0300111P.
XX
PA (SCRI) SCRIPPS RES INST.
PA (SYGN) SYNGENTA PARTICIPATIONS AG.
XX
PI Harper JF, Krepe J, Wang X, Zhu T;
XX
DR WPI; 2002-304127/34.
XX
PT Identifying a stress condition to which a plant cell has been exposed and
XX producing plants with increased tolerance to these abiotic stresses.
XX
PS Claim 144; SEQ ID NO 1411, 577bp + Sequence listing; English.
XX
CC The invention relates to identifying a stress condition to which a plant
CC cell has been exposed, comprising: (a) contacting nucleic acid
CC representative of expressed polynucleotides in the plant cell with an
CC array or probes representative of the plant cell genome; and (b)
CC detecting a profile of expressed polynucleotides in the plant cell
CC characteristic of a stress response. The method is useful in the
CC production of transgenic plants, cells and seeds and in producing plants
CC with increased tolerance to abiotic stresses. The present sequence is that
CC of an Arabidopsis thaliana stress regulated gene (AB212196-AB217574) used
CC in methods of the invention. Note: The sequence data for this patent is
CC not represented in the printed specification but is based on sequence
CC information supplied to Derwent by the European Patent Office
XX
SQ Sequence 1461 BP; 371 A; 363 C; 365 G; 362 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 79.5%; Score 1457.8; DB 6; Length 1461;
Best Local Similarity 99.9%; Pred. No. 0;
Matches 1459; Conservative 0; Mismatches 2; Indels 0; Gaps 0;

Qy 152 TCTTACCGTTTACCGGCTTTAGCGCGGTGCTCTCCACCGGATCTGTTCCACCGCC 211
Db 1 TCTTACCGTTTACCGGCTTTAGCGCGGTGCTCTCCACCGGATCTGTTCCACCGCC 60

Qy 212 GTCGTCGGGAGATTTCTCTCTTTGAGACAAAGACACCGGAAACCACTCTTACCAACCA 271
Db 61 GTGTCGCGGAGATTTCTCTCTTTGAGACAAAGACACCGGAAACCACTCTTACCAACCA 120
Qy 272 AAACCCACCGAGCAATCTCAGATGATGATCTGATCTCTCGATGCAAGCCGCTTTTCTCC 331
Db 121 AAACCCACCGAGCAATCTCAGATGATGATCTGATCTCTCGATGCAAGCCGCTTTTCTCC 180
Qy 332 TCTATCCCAACCTCTGATCTCTCTCTCTCCACCGCGGTTGATGCGCGGCGCATTAAGT 391
Db 181 TCTATCCCAACCTCTGATCTCTCTCTCTCCACCGCGGTTGATGCGCGGCGCATTAAGT 240
Qy 392 CCTATGTCGACCTTGAAGGACGTGGGTCTATGAGCTCTAACTTATGAGCGCTTGGTAGC 451
Db 241 CCTATGTCGACCTTGAAGGACGTGGGTCTATGAGCTCTAACTTATGAGCGCTTGGTAGC 300
Qy 452 CGTGCATGCTTTTGAAGGCTTTGAAAAGTACGTTTATGACCAATTTTGGCGCGTGAA 511
Db 301 CGTGCATGCTTTTGAAGGCTTTGAAAAGTACGTTTATGACCAATTTTGGCGCGTGAA 360
Qy 512 GATGCCGACGACGCGGCTGAGCGGTGAGAAAGCTTTATGAAAGTACGTTTAAAGG 571
Db 361 GATGCCGACGACGCGGCTGAGCGGTGAGAAAGCTTTATGAAAGTACGTTTAAAGG 420
Qy 572 ATGCTTGTCTATGCGGTGAAACACGCGCATGACGCTGTATCTTGTATGATGAATGCA 631
Db 421 ATGCTTGTCTATGCGGTGAAACACGCGCATGACGCTGTATCTTGTATGATGAATGCA 480
Qy 632 CAATTCATTCGAAACCATTTGAAAGTCCCAATCTTTACCAACATCTCACTTATAGTCAGT 691
Db 481 CAATTCATTCGAAACCATTTGAAAGTCCCAATCTTTACCAACATCTCACTTATAGTCAGT 540
Qy 692 GTTGTGAAGATTAAGTCCATTTGTCATTAAGTCTTGAACGAGTACGATCTGCTG 751
Db 541 GTTGTGAAGATTAAGTCCATTTGTCATTAAGTCTTGAACGAGTACGATCTGCTG 600
Qy 752 CGGTGGGAATACAAAGTCCGAACTTCAAACTCTCATGAAAGCTCAAAATCGTTCCGTT 811
Db 601 CGGTGGGAATACAAAGTCCGAACTTCAAACTCTCATGAAAGCTCAAAATCGTTCCGTT 660
Qy 812 TTCTCCGATGAGAGCTCTCTGACACCAAACTGAGAACCGGAAACGTTAACCGCGGA 871
Db 661 TTCTCCGATGAGAGCTCTCTGACACCAAACTGAGAACCGGAAACGTTAACCGCGGA 720
Qy 872 GAAGAAAGGAGCTTGAAGAGCTCATGAGAAAGATTCAGAAATCTGAGAAATGCGAA 931
Db 721 GAAGAAAGGAGCTTGAAGAGCTCATGAGAAAGATTCAGAAATCTGAGAAATGCGAA 780
Qy 932 GATGCCATGATGATGTTGATTTGATGAGGAAAGCAAACTCTCCACCGCGCATGAT 991
Db 781 GATGCCATGATGATGTTGATTTGATGAGGAAAGCAAACTCTCCACCGCGCATGAT 840
Qy 992 TACATGCTTATTCATGCGGATCATGTTCAATGCTGACAAAGACCGACATGTTTAC 1051
Db 841 TACATGCTTATTCATGCGGATCATGTTCAATGCTGACAAAGACCGACATGTTTAC 900
Qy 1052 AACACGATTCAGCGCTTCTTGAAGAGCCCGGTGAGAACTGCAATTTGGCGATCAAAAT 1111
Db 901 AACACGATTCAGCGCTTCTTGAAGAGCCCGGTGAGAACTGCAATTTGGCGATCAAAAT 960
Qy 1112 GGTGAGAAAGAGATGTTCTTATGAGGTTTCAAGTTGAGAGAGGCGCTTACATGCTAGC 1171
Db 961 GGTGAGAAAGAGATGTTCTTATGAGGTTTCAAGTTGAGAGAGGCGCTTACATGCTAGC 1020
Qy 1172 GAACGATGCTTGGCGATTTCTCTGAGTTGACAGTCCAGTCCAGACACAAATTCAGAT 1231
Db 1021 GAACGATGCTTGGCGATTTCTCTGAGTTGACAGTCCAGTCCAGACACAAATTCAGAT 1080
Qy 1232 ACTCACTGTTTAAAGATTTGATGACATTTCCGATGAGAGAAAGCATCAACGCTTCT 1291
Db 1081 ACTCACTGTTTAAAGATTTGATGACATTTCCGATGAGAGAAAGCATCAACGCTTCT 1140

QY 1292 GATTGCTGCTGCTTCTGCAACATTAACGCTGATTGCGGGAGACTTGCCTGAGGAA 1351
DB 1141 GATTGCTGCTGCTTCTGCAACATTAACGCTGATTGCGGGAGACTTGCCTGAGGAA 1200
QY 1352 GCGAGTGAACCTGCGGATTCATTAACGAAACGGAAGATGAGTTGCAACGCTATATG 1411
DB 1201 GCGAGTGAACCTGCGGATTCATTAACGAAACGGAAGATGAGTTGCAACGCTATATG 1260
QY 1412 ATGTGAGATGATTCCTTCTGCGGTTAAAGAGAGAGGCTTGAATGAGCAAGTAC 1471
DB 1261 ATGTGAGATGATTCCTTCTGCGGTTAAAGAGAGAGGCTTGAATGAGCAAGTAC 1320
QY 1472 CCGTTTGAACCCGCTGCAACCGCTATACCGTATCTTCTCGAAGCGCTTATGAAACCG 1531
DB 1321 CCGTTTGAACCCGCTGCAACCGCTATACCGTATCTTCTCGAAGCGCTTATGAAACCG 1380
QY 1532 GGAATATGCGCCACCGGAGCTCATGACCGTCACTCATAGATGGAATTAAGAGAGA 1591
DB 1381 GGAATATGCGCCACCGGAGCTCATGACCGTCACTCATAGATGGAATTAAGAGAGA 1440
QY 1592 TTAATGCGCGGATTCGCTTA 1612
DB 1441 TTAATGCGCGGATTCGCTTA 1461
RESULT 8
ABN98243
ID ABN98243 standard; DNA; 1339 BP.
AC ABN98243;
XX
DT 01-AUG-2002 (first entry)
DE Arabidopsis thaliana expressed polynucleotide SEQ ID NO 11.
XX Arabidopsis thaliana; plant; insecticide; fungicide; transgenic; stress;
KM disease; crop; thale cress; tolerance factor; insect; pathogen;
XX nutrition; ds.
XX Arabidopsis thaliana.
OS US2002023281-A1.
XX
XX PD 21-FEB-2002.
XX
XX PF 26-JAN-2001; 2001US-00770445.
XX
XX PR 27-JAN-2000; 2000US-0178472P.
XX
XX PA (GORL/) GORLACH J.
XX PA (ANY/) AN Y.
XX PA (HAMT/) HAMILTON C M.
XX PA (PRIC/) PRICE J L.
XX PA (RAIN/) RAINES T M.
XX PA (YUY/) YU Y.
XX PA (RAME/) RAMEAKA J G.
XX PA (PAGE/) PAGE A.
XX PA (MATH/) MATHEW A V.
XX PA (LEDF/) LEDFORD B L.
XX PA (MOES/) MOESSENER J P.
XX PA (HAAS/) HAAS W D.
XX PA (GARC/) GARCIA C A.
XX PA (KRIC/) KRICKER M.
XX PA (SLAT/) SLATER T.
XX PA (DAVI/) DAVIS K R.
XX PA (ALLE/) ALLEN K.
XX PA (HOEF/) HOFFMAN N.
XX PA (HURB/) HURBAN P.
XX
PI Goriach J, An Y, Hamilton CM, Price JL, Raines TM, Yu Y;
PI Rameka JG, Page A, Mathew AV, Ledford BL, Moesener JP, Haas WD;
PI Garcia CA, Kricker M, Slater T, Davis KR, Allen K, Hoffman N,
PI Hurban P;

XX
DR WP1: 2002-403163/43.
XX
PT New Arabidopsis thaliana nucleic acid for identifying homologous genes,
PT producing compositions that modulate the expression or function of its
PT encoded protein, and mapping functional regions of protein.
XX
PS Claim 1; SEQ ID NO 11; 49pp + Sequence Listing; English.
XX
CC The invention relates to an Arabidopsis thaliana nucleic acid (I)
CC comprising a sequence capable of hybridizing under stringent conditions
CC to a sequence selected from any one of 999 sequences (ABN98233-ABN99231),
CC given in the specification or its fragment. A polypeptide (II) encoded by
CC (I), a transgenic plant (III) comprising an exogenous nucleic acid or a
CC genetically modified cell (IV) comprising an exogenous nucleic acid, is
CC useful for screening a candidate agent for its biological effect. (I) is
CC useful for identifying homologous or related genes, in producing
CC compositions that modulate the expression or function of its encoded
CC protein, mapping functional regions of the protein and in studying
CC associated physiological pathways. (I) is also useful for the genetic
CC manipulation of cells, particularly plant cells. (I) is also useful in
CC screening assays of various plant strains to determine the strains that
CC are best capable of withstanding a particular disease or environmental
CC stress. (II) and (III) are useful for screening of biologically active
CC agents, e.g. fungicides, insecticides, etc., for elucidating biochemical
CC pathways. The screened agents are useful in improved methods of treating
CC crops to prevent or treat disease. (II) are also useful in screening
CC programs to identify agents that mimic or enhance the action of tolerance
CC factors. Such agents are useful in improved methods of treating crops to
CC enhance their tolerance to environmental stress. (I) is also useful for
CC enhancing or inhibiting production of a biosynthetic product in a plant.
CC (III) is useful for identifying other mediators that may induce
CC expression of proteins of interest, for establishing the extent to which
CC any specific insect and/or pathogen is responsible for damage to a
CC particular plant, for identifying other mediators that enhance or induce
CC tolerance to environmental stress, for identifying factors involved in
CC biosynthetic pathways of nutritional, commercial, or medicinal value and
CC for identifying productions of nutritional, commercial or medicinal
CC value. (IV) is useful in the study of genetic function and regulation,
CC for alteration of the cellular metabolism and for screening compounds
CC that may affect the biological function of the gene or gene products.
CC Note: The sequence data for this patent did not form part of the printed
CC specification, but was obtained in electronic format directly from USPTO
CC at seqdata.uspto.gov/sequence.html?docid=99909770445
XX
SQ Sequence 1339 BP; 360 A; 280 C; 352 G; 327 T; 0 U; 20 Other;
Query Match 69.9%; Score 1280.6; DB 6; Length 1339;
Best Local Similarity 96.7%; Pred. No. 0;
Matches 1295; Conservative 0; Mismatches 44; Indels 0; Gaps 0;
QY 351 TCCTCCGTTCCACCGCGTGTGCAATGCGCGGCAATAGCTCTATGTCGACTTGGGA 410
DB 1 TCAGCGCGCGCGCGCGGAGTGCATGCGCGCGGATGCTCTATGTCGACTTGGGA 60
QY 411 CGTGGCTATGAGCTCTAACTTATGAGAGCTTCGCTGAGCGCTGCGCATGTTTGGGC 470
DB 61 CGTGGCTATGAGCTCTAACTTATGAGAGCTTCGCTGAGCGCTGCGCATGTTTGGGC 120
QY 471 TTGTGAAGATGAGCTTTATGACCAATTTTGGCGCGGTGAAGTGCAGACGCGCTG 530
DB 121 TTGTGAAGATGAGCTTTATGACCAATTTTGGCGCGGTGAAGTGCAGACGCGCTG 180
QY 531 AGCGCGTGAAGAGGTTTATGAGCTATGCTTAAAGAGAGTGTGCTATGAGCGTGG 590
DB 181 AGCGCGTGAAGAGGTTTATGAGCTATGAGCTTAAAGAGAGTGTGCTATGAGCGTGG 240
QY 591 AACACGCGATGACGCTGATCTTGTGATGATTAACGACCAATTCATTGGAACATTG 650
DB 241 AACACGCGATGACGCTGATCTTGTGATGATTAACGACCAATTCATTGGAACATTG 300
QY 651 AAGGTGCAATGTTTAAACCAATCTCACTTAAAGCTCAGGTGTTGAAGATTAACGCA 710

```

Db 301 AAGTCGCAAACTTTACCAACATCTGACTTAGCTGAGTGTGTGAAGATACTCCCA 360
Qy 711 TTTGTCCAAATTAAGTCTTCTGAAAAGAGTGAAGCATCTGCTGCGGTGGGAATACAAAAGTC 770
Db 361 TTTGTCCAAATTAAGTCTTCTGAAAAGAGTGAAGCATCTGCTGCGGTGGGAATACAAAAGTC 420
Qy 771 CGAAGCTCAAACTCTCATGGAAGTCAAAATGTTTCCGGTCTTCTCCGAATCGATCTCTC 830
Db 421 CAAGCTCAAACTCTCATGGAAGTCAAAATGTTTCCGGTCTTCTCCGAATCGATCTCTC 480
Qy 831 TCTACACACAACTCTCATGGAAGTCAAAATGTTTCCGGTCTTCTCCGAATCGATCTCTC 890
Db 481 TCTACACACAACTCTCATGGAAGTCAAAATGTTTCCGGTCTTCTCCGAATCGATCTCTC 540
Qy 891 CAGCTCATGGAAGTCAAAATGTTTCCGGTCTTCTCCGAATCGATCTCTC 950
Db 541 CAGCTCATGGAAGTCAAAATGTTTCCGGTCTTCTCCGAATCGATCTCTC 600
Qy 951 TGATGATGCGGAAAGACAAATCTCCAAACCGCGGATCGATTACATGCTTATTCATCGG 1010
Db 601 TGATGATGCGGAAAGACAAATCTCCAAACCGCGGATCGATTACATGCTTATTCATCGG 660
Qy 1011 CGATGATGCTCAATGCTGACAAAGACCGACCAATGTTTCAACACGATTCAGGCGTACT 1070
Db 661 CGATGATGCTCAATGCTGACAAAGACCGACCAATGTTTCAACACGATTCAGGCGTACT 720
Qy 1071 TGAGAGACGCGGATGAGAGACTGATTTGCGATGACAAATGCTGAGAAAGAGATGTC 1130
Db 721 TGAGAGACGCGGATGAGAGACTGATTTGCGATGACAAATGCTGAGAAAGAGATGTC 780
Qy 1131 CTATGAGGCTTCAAGTGTGAGAGAGGCTTACATGCTAGCGAAAGTACTGCGGATTC 1190
Db 781 CTATGAGGCTTCAAGTGTGAGAGAGGCTTACATGCTAGCGAAAGTACTGCGGATTC 840
Qy 1191 CCTGAGGCTTGAAGTGTGAGAGAGGCTTACATGCTAGCGAAAGTACTGCGGATTC 1250
Db 841 CCTGAGGCTTGAAGTGTGAGAGAGGCTTACATGCTAGCGAAAGTACTGCGGATTC 900
Qy 1251 ATTGATGACATTCCTGATGAGAGAAAGCATCAACGGTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1310
Db 901 ATTGATGACATTCCTGATGAGAGAAAGCATCAACGGTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 960
Qy 1311 CAACACATGAGCTGATTCGCGGAGAGCTGCTGAGAGAAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1370
Db 961 CAACACATGAGCTGATTCGCGGAGAGCTGCTGAGAGAAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1020
Qy 1371 ATAAACAGAGCGGAGAGATGAGTTCAGACAGTATATGATGTCAGATGATTCCT 1430
Db 1021 ATAAACAGAGCGGAGAGATGAGTTCAGACAGTATATGATGTCAGATGATTCCT 1080
Qy 1431 TCGGATTAAGAGAGAGAGGTTCAATGTTAGCAAGTACATGCTTGGACCGCTCCGA 1490
Db 1081 NCGANNNTNNNAGAGCANNNNNNNATGTTAGCAAGTACATGANNNTTGGACCGCTCCGA 1140
Qy 1491 CCGCTATACCGTATCTTCCGACGCGCTTATGAGAACCGGGAATGATGCGCACCGGAG 1550
Db 1141 CCGCTATACCGTATCTTCCGACGCGCTTATGAGAACCGGGAATGATGCGCACCGGAG 1200
Qy 1551 CTGATGACCGTCACTCATGAGATGAACTTTAAGAGAGATTAATGCGCGGAGTTGCGT 1610
Db 1201 CTGATGACCGTCACTCATGAGATGAACTTTAAGAGAGATTAATGCGCGGAGTTGCGT 1260
Qy 1611 AAAGAGAGATGAGAGCATTAATGAAATGGGAAATGAGATGAAATTTCTCT 1670
Db 1261 AAAGAGAGATGAGAGCATTAATGAAATGGGAAATGAGATGAAATTTCTCT 1320
Qy 1671 ATGATGTTAAGAAATGA 1689
Db 1321 ATGATGTTAAGAAATGA 1339

```

RESULT 9
AAF87062

```

ID AAF87062 standard; DNA; 1850 BP.
XX
AC AAF87062;
XX
DT 09-OCT-2001 (first entry)
XX
DE M. sativa Pdh gene.
XX
KW Pdh gene; proline dehydrogenase; alfalfa; transgenic plant; drought;
XX proline level; environmental stress; high salinity; temperature; de.
XX
OS Medicago sativa.
XX
FH Key Location/Qualifiers
FT CDS 106..1581
FT /tag= a
FT /product= "Pdh"
FT /note= "Proline dehydrogenase"
XX
PN W0200153323-A2.
XX
PD 26-JUL-2001.
XX
PF 10-JAN-2001; 2001MO-IL000026.
XX
PR 24-JAN-2000; 2000US-00490454.
XX
PA (UYRA-) UNIV RAMOT APPLIED RES & IND DEV LTD.
XX (AGR-) AGRIC RES ORG VOLCANI CENT.
XX
PI Stein H, Zilberstein A, Miller G, Kapulnik Y;
XX
XX MPI; 2001-483133/52.
XX DR P-PSDB; AAB83319.
XX
PT Novel isolated nucleic acid used to create transgenic plants with
PT increased proline levels and resistance to environmental stress e.g. high
PT salinity, drought.
XX
PS Claim 4; Page 95-96; 99pp; English.
XX
CC This sequence encodes the Medicago sativa (alfalfa) proline dehydrogenase
CC (Pdh) of the invention. The Pdh gene is used to create transgenic plants
CC with increased proline levels and which is therefore resistant to
CC environmental stress. Environmental stress conditions are high salinity,
CC extreme temperature or drought.
XX
SQ Sequence 1850 BP; 561 A; 352 C; 389 G; 548 T; 0 U; 0 Other;
XX
Query Match 25.9%; Score 474.8; DB 4; Length 1850;
Best Local Similarity 60.5%; Pred. No. 5,1e-112;
Matches 855; Conservative 0; Mismatches 547; Indels 12; Gaps 4;
Qy 270 CAAAACCAACGAGAGATCTACGATGCTTCTGATCTCTCGATCAAGCCGCTCTTTCT 329
Db 245 CAACAACCTCTCCCTCCGACGCGGAGCTCACTTCACAGACGTCGAAAACCTCTTTT 304
Qy 330 CCTTATCCCAACCTCTGATCTCCCGTTCACGCGCGGTGATGCGGCGGATAG 389
Db 305 CGCAGCTCCCAACTACCAAACTTCTCAAACTCACTGCTCATGATGATCCGCGTCTG 364
Qy 390 GTCTTATGCTGACCTTAGGAGCGTGTCTATGAGCTTAACTTAAGAA--CGCTTGG 446
Db 365 AGCAGATGTTGACCTCGGTACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 424
Qy 447 TGACGCTGAGATGTTTAAAGGCTTGTGAAAAGTACGTTTATACCAATTTTGGCGG 506
Db 425 CTTTACGTACATGCTATGCTATGCTACACACGTCGACCTTTTTCATCATTTTGTGCG 484
Qy 507 GTGAAGATCCGACGACGCGCTGAGCGGTGAGAGAGGCTTATGAGCTACTGCTTAA 566
Db 485 GAGAGATGCTTACACGCTGAGAAAAGATTTGCGGCTGATGATGAG--CGGTTTAC 541

```

QY 567 AAGGATGCTTGTCTATGCGTGAACACGCGGATGAGCGTGTATCTTGATGATGAACA 626
 DB 542 GTGGATTCCTGTTACGGCTTTGAAGATGCTCAATATACGCTGCTGTATGCCAATC 601
 QY 627 TGCACAAATTCATTGCAACCAATTGAAGCTGCCAATCTTTACCAACATCTCACTTACCT 686
 DB 602 TCAAAAGTTTCTTCAACCCGTGATGACAGATCGCTCTCTCACTCTTGCGTAACCT 661
 QY 687 CAGTGGTGTGAAGATTAATGCAATTTGCAATTAAGTCTTGTGAAGAGAGAGAGATC 746
 DB 662 TTGTGATTTGGAAGATTAATGCAATTTGCAATTAAGTCTTGTGAAGAGAGATC 721
 QY 747 TCGTGGTGTGAAGATTAATGCAATTTGCAATTAAGTCTTGTGAAGAGAGATC 806
 DB 722 TCGTGGATGATC 781
 QY 807 CGGTTTTCCTGGAATGAGATTCCTCTACCAACAACTCAAGAACCGGATTAACCG 866
 DB 782 CAATTTCTCTGAGTCAAGTCTTGTACCAATCAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGATC 841
 QY 867 CGGATC 926
 DB 842 CAGATC 901
 QY 927 GCCAAGATTCATGATCAATGTTGATGATGCGGAGAGAGAGAGAGAGAGAGATC 986
 DB 902 GTGTGATC 961
 QY 987 TCGATTAACAGGCTTTATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGATC 1046
 DB 962 TTGATTAACAGGCTTTATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGATC 1018
 QY 1047 TTTACAACAGATTCAGGCTTTATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGATC 1106
 DB 1019 TGTGGAACCTTCAGACTTTATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGATC 1078
 QY 1107 AAAATGCTGAAGATC 1166
 DB 1079 AGGCTGCTGAAGATC 1138
 QY 1167 CTAGCAGATC 1226
 DB 1139 CTAGTGAAGATC 1198
 QY 1227 AGGATTAACAGGCTTTATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGATC 1286
 DB 1199 AGGATTAACAGGCTTTATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGATC 1258
 QY 1287 GTTCTGCTGATC 1346
 DB 1259 GTCTGCTGATC 1315
 QY 1347 GGAAGATC 1406
 DB 1316 CAAAGATC 1375
 QY 1407 ATGATTAACAGGCTTTATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGATC 1466
 DB 1376 ATGATTAACAGGCTTTATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGATC 1435
 QY 1467 ACAATGCTGATC 1526
 DB 1436 ATATGCTGATC 1495
 QY 1527 ACCGATC 1586
 DB 1496 ATAGATC 1555
 QY 1587 GGAATTAACAGGCTTTATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGATC 1646
 DB 1556 GGAATTAACAGGCTTTATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGATC 1615
 QY 1647 AATGATTAACAGGCTTTATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGATC 1680

DB 1616 AGGATC 1649
 RESULT 10
 ABL93291/C
 ID ABL93291 standard; cDNA; 475 BP.
 XX
 AC ABL93291;
 XX
 DT 10-JUN-2002 (first entry)
 XX
 DE Arabidopsis thaliana nucleic acid sequence Ref:2027056 SEQ ID NO:56.
 XX
 KW Arabidopsis thaliana; insecticide; fungicide; plant; mapping; diagnosis;
 XX genetic modification; gene; ss.
 OS Arabidopsis thaliana.
 XX
 PN US2002023280-A1.
 XX
 PD 21-FEB-2002.
 XX
 PF 26-JAN-2001; 2001US-00770444.
 XX
 PR 27-JAN-2000; 2000US-0178502P.
 XX
 PA (GORL/) GORLACH J.
 PA (ANY/) AN Y.
 PA (HAMI/) HAMILTON C M.
 PA (PRIC/) PRICE J L.
 PA (RAIN/) RAINES T K.
 PA (YUY/) YU Y.
 PA (RAME/) RAMEKA J G.
 PA (PAGE/) PAGE A.
 PA (MATH/) MATHW A V.
 PA (LEDF/) LEDFORD B L.
 PA (WOES/) WOESSNER J P.
 PA (HAAS/) HAAS W D.
 PA (GARC/) GARCIA C A.
 PA (KRICK/) KRICKER M.
 PA (SLAT/) SLATER T.
 PA (DAVI/) DAVIS K R.
 PA (ALLE/) ALLEN K.
 PA (HOFF/) HOFFMAN N.
 PA (HORB/) HORBAN P.
 XX
 PI Gorlach J, An Y, Hamilton CM, Price JL, Raines TM, Yu Y;
 PI Rameka JG, Page A, Mathew AV, Ledford BL, Woessner JP, Haas WD;
 PI Garcia CA, Kricker M, Slater T, Davis KR, Allen K, Hoffman N;
 PI Hurban P;
 XX
 DR WPI; 2002-267486/31.
 XX
 PT New Arabidopsis thaliana nucleic acid, for identifying homologous genes,
 PT producing compositions that modulate the expression or function of its
 PT encoded protein, and mapping functional regions of a protein.
 XX
 PS Claim 1; SEQ ID NO 56; 44pp; English.
 XX
 CC The present invention describes an Arabidopsis thaliana nucleic acid (1)
 CC comprising a sequence capable of hybridising under stringent conditions
 CC to a sequence (S1) selected from any one of the 999 sequences given in
 CC ABL93291 to ABL94234. (1) have insecticide and fungicide activities, and
 CC they can be used as protein expression modulators. (1) can be used in
 CC identifying homologous or related genes, in producing compositions that
 CC modulate the expression or function of their encoded proteins, mapping
 CC functional regions of the proteins, and in studying associated
 CC physiological pathways. (1) can also be used: (1) for the genetic
 CC manipulation of cells, particularly plant cells; (2) in screening assays
 CC of various plant strains to determine the strains that are best capable
 CC of withstanding a particular disease or environmental stress; (3) for
 CC enhancing or inhibiting production of a biosynthetic product in a plant;

CC (4) as probes in mapping and in diagnosis, in genetic modification and
CC for screening purposes, to generate additional copies of the nucleic
CC acids, to generate ribozymes or antisense oligonucleotides, and as single
CC-stranded DNA probes or as triple-strand forming oligonucleotides; and (5)
CC for generating genetically modified transgenic organisms. Note: The
CC sequence data for this patent did not form part of the printed
CC specification, but was obtained in electronic format directly from the
CC USPTO web site

5Q Sequence 475 BP; 125 A; 94 C; 140 G; 116 T; 0 U; 0 Other;

Query Match	23.9%	Score 438.4	DB 6	Length 475
-------------	-------	-------------	------	------------

Best Local Similarity 96.6%; Pred. NO. 7.4e-103;
Matches 460; Conservative 0; Mismatches 11;

Matches 460; Conservative 0; Mismatches 11; Indels 5; Gaps 1;

Qy	10	AAAAAAAAAGCGATMAAACCGMAACATGACCAAAACAAAAAAGAGAGAAATTA	69
Dd	473	AAAAAAAAAGCGATMAAACCGMAACATGACCAAAACAAAAAGAGAG- - - -AATT	419
Qy	70	TTTTTTTTGTTTGTTTCMAAAACAAATCTTGAAATTTATGGCAACCGTCTTC	129
Dd	418	TTTTCTTTTGTTTGTTTCMAAAACAAATCTTGAAATTTATGGCAACCGTCTTC	359
Qy	130	CCGAACAACTTATCCGGCGATCTTACCCTTACCCGCTTTTAGCCCGTGGGTCTTC	189
Dd	358	CCGAACAACTTATCCGGCGATCTTACCCTTACCCGCTTTTAGCCCGTGGGTCTTC	299
Qy	190	CACGTGATGCTGCCACCGCGGTGTCGCGAATTCCTCCTTTGAGCAACAGACAC	249
Dd	298	CACGTGATGCTGCCACCGCGGTGTCGCGAATTCCTCCTTTGAGCAACAGACAC	239
Qy	250	GGAACCACTCTTCAACCAACCAAAACCAACCGAGCAATCTCACGATGTCGATCTTC	309
Dd	238	GGAACCACTCTTCAACCAACCAAAACCAACCGAGCAATCTCACGATGTCGATCTTC	179
Qy	310	CGATCAAGCCGCTTTCTCCTCATCCCAAGCTGATCTCCTCGTTCCACGCGCT	369
Dd	178	CGATCAAGCCGCTTTCTCCTCATCCCAAGCTGATCTCCTCCTCGTTCCACGCGCT	119
Qy	370	GTTGATGCGGCGGCGATAGTCTCATGTCGACCTAGGACGATGGATCATGAGCTTAA	429
Dd	118	GTTGATGCGGCGGCGATAGTCTCATGTCGACCTAGGACGATGGATCATGAGCTTAA	59
Qy	430	ACTTATGACGCTTGCGGTGACGCGTGGCATGTTTGAAGGCTGTGAAAAATGACT	485
Dd	58	ACTTATGACGCTTGCGGTGACGCGTGGCATGTTTGAAGGCTGTGAAAAATGACT	3

RESULT 11

ID AAF87063 standard; DNA; 2596 BP.

AC AAF87063;

DT 09-OCT-2001 (first entry)

M. sativa Pdh gene.

Pdh gene; proline dehydrogenase; alfalfa; transgenic plant; drought;

XX

XX
DN
W02001E3333-73XX 36-777-2001
PD

XX
PE 10-JAN-2001 : 2001WO-TI.0000036

XX
PB 34-TAN-2000: 2000TTS-004904EAXX
PA (UPRA-) UNIV RAMOT APPLIED BI

FA (AGRI- / AGRIC RES ORG VOLCANI CENT.

XX Stein H, Zilberstein A, Miller G, Kapulnik Y;
PI
XX
XX WPI; 2001-483133/52.
DX
XX
XX Noyel isolated nucleic acid used to create transgenic plants with
PT increased proline levels and resistance to environmental stress e.g. high
PT salinity, drought.
XX
XX
PS Claim 3; Page 97-98; 99pp; English.

CC This sequence encodes the Medicago sativa (alfalfa) proline dehydrogenase

CC (Pdh) of the invention. The Pdh gene is used to create transgenic plants CC with increased proline levels and which is therefore resistant to

CC environmental stress, environmental stress conditions are high salinity, extreme temperature or drought

XX Sequence 2596 BP; 768 A; 443 C; 537 G; 848 T; 0 U; 0 Other;
SQ

Query Match	Score	DB 4	Length
15.3%	279.6	2596	

best local similarity 59.4%; pred. no. 1.35-61;
Matches 594; Conservative 0; Mismatches 314; Indels 96; Gaps 3

681 TTACGTCAGTGGTGTGAGATTAAGTCCATTGTCCAATTAGCTTCTGAAACGAGTGA 740

Db 1259 TAAGCTTGTGATGTGAAGATTACTGCAATATGTCCAATGAGTTTGCCTTGAAGAATGA 131

741 GCGATCTGCTGCCGTTGGAATACAAAGTCCGAATTCAACTTCATGGAAGTCAAT 800

Db	1319	GTGATTTCGTGAGATGCGCAGAAAGAAAGACCCCTCAATTGTTTTCACATGGAACCAAGATT	137
OY	801	CGTTCGCGGTTTTCTCCGAATCGAATGCTGCTCTCAACACAAATCACTGAACCGGAACCGG	860
Db	1379	CATTGCGCAATTTCTCTGAGTCAAGTCTTTGTACACATCAAGGAAGACACAGAGCAT	143
OY	861	TAAACCGCGAAGAGAAAGAGAGCTCGAAGACGCTCATGGAAGATTCAAGAAATCTGA	920
Db	1439	TAAACACAGAGAAAGAGAGATGATCTTGATCTTGCTTAACAAGAGATTCCCTGACCTTGTG	149
OY	921	GGAAATGCCAAGTCCAAATGTAACATGTTGATTTGATGCGGAAGACACAAATCCTCCAC	980
Db	1499	AGAAATGTGTGACAGCAATATTCATTAATGTTGATGATGCAATCACTTCAGTTCAAC	155
OY	981	CCGCGATGATTAACATGAGCTTATTCATGCGGATCATGTTCAATGCTGACAAAGACCGAC	104
Db	1559	CTGCTATTGATTACTTACTTACTTCTTCTGCTATTAAGCAATTAACAAGTGAAGAAC--C	161
OY	1041	CAATCGTTTACAACAGATTCAGGGGTACTTGAGAAGACCGGCGAAGACTGCATTTGG	110
Db	1616	CTATTGTGTTGGAAACCCCTCAGACTTATTTGAAAGATGCTAAGAGAAAGATGTGTTGG	167
OY	1101	CAGTACAAATGCTGTGAAAGAGATGTCTATGCGGTTCAAGTTGTTAGAGGGGCTT	116
Db	1676	CATCAAAAGCTGTGAGAAATGGGGAATACCAATGGAATTTAACTTGTTAGAGGTGCTT	173
OY	1161	ACATGTCTACGAGAGTGAAGTGGCGGATTCCTTGGGTTGCAAGTGGCCAGTCCAGACA	122
Db	1736	ATATGTCTGTGTAAGAAATATGCTGCTGATTTGGGTTATGCTTCCAAATTCATAAACA	179
OY	1221	CAATTGAGATTACTCACTCTTGTTCAGATGATGATGACATTCCTCATGAGAGAAACAT	128
Db	1796	CTATTAGAGATACACATAAGTGTTCATATGATTTGTCAAATTAATCTTTGAGAAAGTTG	185
OY	1281	CAAAAGCTTCTGTTGGTGTGCTGTTCTGCGACACATACCGCTGATC-----	132
Db	1856	CTAATGCTCTGGT---GGAGTTGTTCTTGCAACTCATTAACATTGAATCAGGTATATATT	191
OY	1330	-----	132
Db	1913	ATATGATATTATGATTAATGATTATTAATATGATATGATGAGGGGTATGATTTGATT	197
OY	1330	-----GGGAGACTTGGCTGAGAGAAAGCAGTGAACCTGGGATCG	137

RESULT 13
AB216299
ID AB216299 standard; DNA; 2000 BP.
XX
AC AB216299;
XX
DT 21-JAN-2003 (first entry)
XX
DE Arabidopsis thaliana stress regulated gene SEQ ID NO 4104.
XX
OS Arabidopsis thaliana; plant; gene; stress; transgenic; ds.
XX
KM Arabidopsis thaliana; plant; gene; stress; transgenic; ds.
XX
OS Arabidopsis thaliana.
XX
PN WO20021655-A2.
XX
PD 28-FEB-2002.
XX
PF 24-AUG-2001; 2001WO-US026665.
XX
PR 24-AUG-2001; 2000US-0227866P.
PR 26-JAN-2001; 2001US-0264647P.
PR 22-JUN-2001; 2001US-0300111P.
XX
PA (SCEI) SCRIPPS RES INST.
PA (SYGN) SYNGENTA PARTICIPATIONS AG.
XX
PI Harper JF, Krepe J, Wang X, Zhu T;
XX
DR WPI; 2002-304127/34.
XX
PT Identifying a stress condition to which a plant cell has been exposed and
producing plants with increased tolerance to these abiotic stresses.
XX
PS Claim 144; SEQ ID NO 4104; 577bp + Sequence listing; English.
XX
CC The invention relates to identifying a stress condition to which a plant
cell has been exposed, comprising: (a) contacting nucleic acid
representative of expressed polynucleotides in the plant cell with an
array of probes representative of the plant cell genome; and (b)
detecting a profile of expressed polynucleotides in the plant cell
characteristic of a stress response. The method is useful in the
production of transgenic plants, cells and seeds and in producing plants
with increased tolerance to abiotic stress. The present sequence is that
of an Arabidopsis thaliana stress regulated gene (AB212196-AB217574) used
in methods of the invention. Note: The sequence data for this patent is
not represented in the printed specification but is based on sequence
information supplied to Derwent by the European Patent Office
XX
SQ Sequence 2000 BP; 753 A; 339 C; 244 G; 664 T; 0 U; 0 Other;
Query Match 8.2%; Score 151; DB 6; Length 2000;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 2.1e-28;
Matches 151; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
QY 1 AGCGTTTGAAGAAAAACGCGATTAACCGGAACATCAAGCAACAAAAAAGAGAA 60
DB 1850 AGCGTTTGAAGAAAAACGCGATTAACCGGAACATCAAGCAACAAAAAAGAGAA 1909
QY 61 GAGAAATTAATTTTTTTTGGTTTGGTTTCAAAAAACAAATCTTGAATTTTATGGCAAC 120
DB 1910 GAGAAATTAATTTTTTTTGGTTTGGTTTCAAAAAACAAATCTTGAATTTTATGGCAAC 1969
QY 121 CCGTCTTCTCCGAAACAACCTTATCCGGCGA 151
DB 1970 CCGTCTTCTCCGAAACAACCTTATCCGGCGA 2000

RESULT 14
ADA69271
ID ADA69271 standard; DNA; 2000 BP.
XX
AC ADA69271;
XX
DT 20-NOV-2003 (first entry)
XX
DE Arabidopsis thaliana gene, SEQ ID 2594.
XX
KM Plant; bacterial infection; fungal infection; viral infection; gene; ds.
XX
OS Arabidopsis thaliana.
XX
PN WO2003000898-A1.
XX
PD 03-JAN-2003.
XX
PF 22-JUN-2001; 2001WO-IB001105.
XX
PR 22-JUN-2001; 2001WO-IB001105.
XX
PA (SYGN) SYNGENTA PARTICIPATIONS AG.
XX
PI Chang H, Chen W, Cooper B, Glazebrook J, Goff SA, Hou Y;
PI Katagiri F, Quan S, Tao Y, Whitcham S, Xie Z, Zhu T, Zou G;
XX
DR WPI; 2003-175290/17.
XX
PT Identifying at least one gene involved in plant resistance or response to
pathogenic infection for conferring resistance or tolerance to a plant to
bacterial, fungal or viral infection by determining or detecting plant
gene expression.
XX
PS Claim 27; SEQ ID NO 2594; 899bp; English.
XX
CC The present invention relates to a method (M1) for identifying genes
involved in plant resistance or response to pathogenic infection. M1
comprises identifying a gene whose expression is significantly altered in
the incompatible interaction of plant gene expression relative to
expression of the gene in an uninfected plant, in a mutant plant that
does not express a gene associated with response to pathogenic infection,
or in a corresponding incompatible or compatible interaction. (M1) is
useful for conferring resistance to resistance or tolerance to a plant to
bacterial, fungal or viral infection. The present sequence was used to
illustrate the invention.
XX
SQ Sequence 2000 BP; 753 A; 339 C; 244 G; 664 T; 0 U; 0 Other;
Query Match 8.2%; Score 151; DB 7; Length 2000;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 2.1e-28;
Matches 151; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
QY 1 AGCGTTTGAAGAAAAACGCGATTAACCGGAACATCAAGCAACAAAAAAGAGAA 60
DB 1850 AGCGTTTGAAGAAAAACGCGATTAACCGGAACATCAAGCAACAAAAAAGAGAA 1909
QY 61 GAGAAATTAATTTTTTTTGGTTTGGTTTCAAAAAACAAATCTTGAATTTTATGGCAAC 120
DB 1910 GAGAAATTAATTTTTTTTGGTTTGGTTTCAAAAAACAAATCTTGAATTTTATGGCAAC 1969
QY 121 CCGTCTTCTCCGAAACAACCTTATCCGGCGA 151
DB 1970 CCGTCTTCTCCGAAACAACCTTATCCGGCGA 2000

RESULT 15
ABN84373
ID ABN84373 standard; cDNA; 1494 BP.
XX
AC ABN84373;
XX
DT 01-OCT-2002 (first entry)
XX
DE Mouse proline dehydrogenase coding sequence.
XX
KM Proline dehydrogenase; PRODH; enzyme; mouse; schizophrenia;
obsessive compulsive disorder; bipolar disorder;

QY 1211 GTCCAGACAAATTACAGATCTCTTGTACAAATGATGTATGACATTCCTGATG 1270
DB 1078 ATCAACCTTACATATGACCAACCAATGCTATGACAGAGTGGCTTAACTATGTTCTG 1137
QY 1271 GAGAAAGCATCAACCGCTTCTGCTTGGTGTCTTCCGCAACATTAACGCTGATTTCG 1330
DB 1138 GAGAGCTGACAGCAACGACCAAGGAGATGATGCTTCCCAACAGCAGACACC 1197
QY 1331 GGGAGACTTGGCTGAGAAAGGAGTACCTCGGATGATTAACAGAGGGAAGATA 1390
DB 1198 GTGCACTTCACTTGTGACAGATGAGAGATAGGCTGCTGCTGATGATGATGATG 1257
QY 1391 GAGTTTGCACAGCTATATGATATGTCATGATGCTTCTGAGGTTAAAGAGCAGAG 1450
DB 1258 TGCTTGCAGACGCTGCTGGGATGATGATCAAAATACAGCTTCCCACTAGGCGAGG 1317
QY 1451 TTCAATGTTAGCAAGTACATGCGCTTGGACCCCTGCGCAACCGCTATACCGTATCTTC 1510
DB 1318 TTCTCTGTACAAAGTATGCTTATGCGCTGATGAGATGATCTCTTACCTGTCC 1377
QY 1511 CGACGCTTATGAGAACCGGGAATGATGACCAACGAGCTCATGACCGTCACTCATG 1570
DB 1378 CGCCGTGCTTGAAGAAAGAGCAATCATGAAAGGATGCTCAGCGAGAGAGAGCTGCTA 1437
QY 1571 AGGATGAACTTAAAGAGAGATTATCGCCGCGA 1604
DB 1438 TGGCAGAGCTCGCAGCGGCTGCGCACTGCGA 1471

RESULT 2

US-09-277-262-7
; Sequence 7, Application US/09277262
; Patent No. 6395482
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Karayorgou, Maria
; APPLICANT: Gogos, Joseph A
; TITLE OF INVENTION: METHODS OF DETERMINING A SUSCEPTIBILITY TO OR PRESENCE
; TITLE OF INVENTION: OF SCHIZOPHRENIA, OR A DISEASE OR DISORDER RELATED
; TITLE OF INVENTION: THERE TO
; FILE REFERENCE: 600-1-223 CIP
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/277,262
; CURRENT FILING DATE: 1999-03-26
; EARLIER APPLICATION NUMBER: 09/229,530
; EARLIER FILING DATE: 1999-01-13
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 9
; SOFTWARE: Patentln Ver. 2.0
; SEQ ID NO 7
; LENGTH: 2240
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Mus musculus
US-09-277-262-7

Query Match 6.7%; Score 123.6; DB 4; Length 2240;
Best Local Similarity 48.7%; Pred. No. 2,3e-25;
Matches 367; Conservative 1; Mismatches 380; Indels 6; Gaps 1;

QY 851 CCGGAACCGTTAACCGCGGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGATTC 910
DB 1020 CTGTACCGGTTCACTGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGATGAT 1079
QY 911 GAAATCTGTAGAGAAATGCCAGAGTCCATGTACATTTGATGATGATGATGATGATGAT 970
DB 1080 GTACTGTGCGCAAGAAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGC 1139
QY 971 ATCTTCAACCGCGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1030
DB 1140 TACTTCAACCGAGCATGAGCGCTGAGCTGAGATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAT 1199
QY 1031 AAGAGCGAGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1090
DB 1200 AAG-----CGTTATCTTCAACATTCAGTGTCTACTCTCAAGAGAGAGAGAGAGAT 1253

QY 1091 CTGCACTTGGCAGTACAAATATCTGAGAAAGAGAGATGTTCTATGAGGCTTCAAGTTGATG 1150
DB 1254 GTGACCTTGAATATGAGATCTGCTCCCGATGAGAGGCTGATGATGATGATGATGATGATG 1313
QY 1151 AGAGGGGCTTAACTGTCTAGCGAGAGCTGATGCTGAGGATTCCTGGTTGCAAGTCCCA 1210
DB 1314 CGTGTGCAATACATGAGCCCAAGAGCGCTGTGAGGCGAGAGAGATGATGAGAGAGAGAG 1373
QY 1211 GTCCAGACCAATTCAGAGATCACTCTTGTAAATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1270
DB 1374 ATCAACCTTCAATATGAG 1433
QY 1271 GAGAAAGCATCAACCGCTTCTGCTTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1330
DB 1434 GAGAGCTGAG 1493
QY 1331 GGGAGACTTGGCTGAGAAAGGAGTACCTCGGATGATTAACAGAGAGAGAGAGAGAT 1390
DB 1494 GTGCACTTCACTTGTGACAGATGAGAGAGATGAGCTGATCTGCTGATGATGATGATG 1553
QY 1391 GAGTTTGCACAGCTATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1450
DB 1554 TGCTTGCAGACGCTGCTGGGATGATGATCAAAATCAGCTTCCCACTAGGCGAGGAGG 1613
QY 1451 TTCAATGTTAGCAAGTACATGCGCTTGGACCGCTGCGCAACCGCTATACCGTATCTTC 1510
DB 1614 TTCTCTGTGACAAAGTATGCTTATGCGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1673
QY 1511 CGACGCTTATGAGAACCGGGAATGATGACCAACGAGCTCATGACCGTCACTCATG 1570
DB 1674 CGCCGTGCTTGAAGAAAGAGCAATCATGAAAGGATGCTCAGCGAGAGAGAGAGAGCTG 1733
QY 1571 AGGATGAACTTAAAGAGAGATTATCGCCGCGA 1604
DB 1734 TGGCAGAGCTCGCAGCGGCTGCGCACTGCGA 1767

RESULT 3

US-09-277-262-1
; Sequence 1, Application US/09277262
; Patent No. 6395482
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Karayorgou, Maria
; APPLICANT: Gogos, Joseph A
; TITLE OF INVENTION: METHODS OF DETERMINING A SUSCEPTIBILITY TO OR PRESENCE
; TITLE OF INVENTION: OF SCHIZOPHRENIA, OR A DISEASE OR DISORDER RELATED
; TITLE OF INVENTION: THERE TO
; FILE REFERENCE: 600-1-223 CIP
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/277,262
; CURRENT FILING DATE: 1999-03-26
; EARLIER APPLICATION NUMBER: 09/229,530
; EARLIER FILING DATE: 1999-01-13
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 9
; SOFTWARE: Patentln Ver. 2.0
; SEQ ID NO 1
; LENGTH: 1551
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Homo sapiens
US-09-277-262-1

Query Match 5.8%; Score 107.2; DB 4; Length 1551;
Best Local Similarity 47.7%; Pred. No. 1e-20;
Matches 350; Conservative 0; Mismatches 378; Indels 6; Gaps 1;

QY 857 CCGTTAACCGCGGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGATTC 916
DB 787 CGGTCACTGATGCTG 846
QY 917 TGTAGAAATGCGAGAGTCCATGTACATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 976
DB 847 GCGAAG 906
QY 977 GAACCGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1036

Db 907 CAGCCGCGCATCAGCCGCTGAGCTGAGATGAGCGGAAATTCATTGAGGAA----- 962
Qy 1037 CGACCAATCGTTTACAAACAGATTCAAGCGCTACTTGAGAGACCGCGGTGAGACTGCAAT 1096
Db 963 --GCCGCTCATCTTCAACATACATACAGTGTACTCAAGATGAGTGTGACATGAGACC 1020
Qy 1097 TTGGCAATCAAAATGCTGAGAAAAGAAATGTTCTTATGGGTTTCAAGTTGTTGAGAGG 1156
Db 1021 CTGAGCTGAGAGCTGCTGCGCGTGAAGGGCTGTGTTTGGGGCCAAAGCTGGTGGGAGC 1080
Qy 1157 GCTTACATGTTTACGAGACGTAGCTTGGCGGATTCCTTGGGTTTCAAGTCCGCACTCAC 1216
Db 1081 GCATACCTGCGCCAGAGAGCCAGCCGCTGCGGCAAGATGCGCTATGAGAGACCCCATCAAC 1140
Qy 1217 GACCAATTCAGATCTACTCTTTTACATATGTTATGACATTCCTGATGAGAGAA 1276
Db 1141 CCCACGTACGAGGCGCACCAAGCCATGATACCAAGTGGCTGACATCGTTTGGAGAG 1200
Qy 1277 GCATCAACGCTTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1336
Db 1201 CTGAGCACAACGCCAGAGCCAGAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1260
Qy 1337 CTGCGTGCAGAGAAACGAGTACCTCGGATTCGATTAACAGACGGAAAGATAGACTTT 1396
Db 1261 TTGCGACTGCGCGAGATGAGAGAGCTGGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTT 1320
Qy 1397 GCAACGCTATATGCTATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1456
Db 1321 GACACGCTGCTAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1380
Qy 1457 GTTAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1516
Db 1381 GTTAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1440
Qy 1517 GCTTATGAGAAACCGGGAATGATGAGCCACCGAGCTATGACCTCACTCATGAGATG 1576
Db 1441 GCCCTGAGAAACAGAGCCTCATGAGGCAACCATGAGGAGCGAGCTGTGCTGCTG 1500
Qy 1577 GAACCTAGAGAG 1590
Db 1501 GAGCTCTTGAAGCG 1514

RESULT 4

US-09-277-262-9
; Sequence 9, Application US/09277262
; Patent No. 6395482
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Karayiorou, Maria
; APPLICANT: Gogos, Joseph A
; TITLE OF INVENTION: METHODS OF DETERMINING A SUSCEPTIBILITY TO OR PRESENCE
; TITLE OF INVENTION: OF SCHIZOPHRENIA, OR A DISEASE OR DISORDER RELATED
; TITLE OF INVENTION: THEREIN
; FILE REFERENCE: 600-1-223 CIP
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/277,262
; CURRENT FILING DATE: 1999-03-26
; EARLIER APPLICATION NUMBER: 09/229,530
; EARLIER FILING DATE: 1999-01-13
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 9
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO: 9
; LENGTH: 2389
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Homo sapiens
US-09-277-262-9

Query Match 5 8%; Score 107.2; DB 4; Length 2389;
Best Local Similarity 47.7%; Pred No. 1.3e-20;
Matches 350; Conservative 0; Mismatches 378; Indels 6; Gaps 1;
Qy 857 CCGTAAACCGGAGAGAGAGAGCTCGAAGCAGCTCATGAGAGATTCAAGAAATC 916

Db 1233 CCGTCACTGAGAGAGAGAGCTACAGATGACAGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1292
Qy 917 TGTAGAAATGCGAAGATCCAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 976
Db 1293 GCCAAGAAAGCCACAGATGAGGCTGCGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1352
Qy 977 CAACCGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1036
Db 1353 CAGCCGCGCATGAGCCGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1408
Qy 1037 CGACCAATCGTTTACAAACAGATTCAAGCGCTTACAGAGACCGCGGTGAGAGACTGAT 1096
Db 1409 --GCCGCTCATCTTCAACATACATACAGTGTACTCAAGATGCTTATGAGACATGATG 1466
Qy 1097 TTGGCAATCAAAATGCTGAGAAAAGAAATGTTCTTATGGGTTTCAAGTTGTTGAGAGG 1156
Db 1467 CTGAGAGTGAAGCTGCTGCGCGTGAAGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1526
Qy 1157 GCTTACATGTTTACGAGACGTAGCTTGGCGGATTCCTTGGGTTTGAAGTCCGCACTCAC 1216
Db 1527 GCATACCTGCGCCAGAGAGAGCCGCTGCGGAGAGATCGGCTATGAGAGACCCCATCAAC 1586
Qy 1217 GACCAATTCAGATCTACTCTTTTACATATGTTATGATGATGATGATGATGATGATG 1276
Db 1587 CCCACGTACGAGGCCACCAAGCCATGATACCAAGTCCGTGAGCTAGTGTGAGAGAG 1646
Qy 1277 GCATCAACGCTTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1336
Db 1647 CTGAGCACAACGCCAGAGCCAGAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1706
Qy 1337 CTGCGTGCAGAGAAACGAGTACCTCGGATTCGATTAACAGACGGAAAGATAGACTTT 1396
Db 1707 TTGCACTGCGAGAGATGAGAGAGCTGGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTT 1766
Qy 1397 GCAACGCTATATGCTATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1456
Db 1767 GACACGCTCTAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1826
Qy 1457 GTTAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1516
Db 1827 GTTAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1886
Qy 1517 GCTTATGAGAAACCGGGAATGATGAGCCACCGAGCTATGACCTCACTCATGAGATG 1576
Db 1887 GCCCTGAGAAACAGAGCCTCATGAGGCAACCATGAGGAGCGACCATGAGGAGAGTGTG 1946
Qy 1577 GAACCTAGAGAG 1590
Db 1947 GAGCTCTTGAAGCG 1960

RESULT 5

US-09-023-655-378
; Sequence 378, Application US/09023655
; Patent No. 6607879
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Cocks, Benjamin G.
; APPLICANT: Susan G. Stuart
; APPLICANT: Jeffrey J. Seilhamer
; TITLE OF INVENTION: COMPOSITION FOR THE DETECTION OF BLOOD CELL GENE
; TITLE OF INVENTION: EXPRESSION
; NUMBER OF SEQUENCES: 1508
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: INCTE PHARMACEUTICALS, INC.
; STREET: 3174 PORTER DRIVE
; CITY: PALO ALTO
; STATE: CALIFORNIA
; COUNTRY: USA
; ZIP: 94304
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

Db	907	CAACCGCCCATAGCGCCCTGACGCTGAGATGACAGCGAAGTTCAATGTGGAGAA----	962
QY	1037	CGACCAATCGTTTAACAACAAGATTACAGCGTACTTGAAGAACCGCGGTGAGACTGCAAT	1096
Db	963	--GCCCTCATCTTCAACAACAATACCAAGTGACTCAAGATCCCTATACATATGAC	1020
QY	1097	TTGGCAGTCAAAAATGCTGAGAAAGAAATTTCCCTATGAGGGTTCAAGTTGGTAGAGG	1156
Db	1021	CTGAGACGTGAGACTGCTGCTCCCGGTAGAGGCTGTGTGTTTGGGGCCAGAGCTGTGTGGGGC	1087
QY	1157	GCTTACATCTTAGCGAAAGTAGCTTGGCGGATTTCCGTGGTTTCAAGTGCAGTCCAC	1216
Db	1081	GCATACCTGAGCCAGAGAGGAGACCGGTGCGCAGAGATCGCTATAGAGACCCCATCAAC	1140
QY	1217	GACACAAATTCAGAGATATCACTCTTGTTAACAATGATTTGATGACATTCCTGATGAGAA	1276
Db	1141	CCACGTAAGAGGCCCAACGCCCATGTACCAAGTGCTCTGACTACGTGTGGAGAG	1207
QY	1277	GCATCAACGCGTTCTGTTTCGGTCTCGTCTCCCAACAATACGCTGATTCGGGAGAA	1336
Db	1201	CTGACACACAAGCCCAAGGCCCAAGGTATGATGTGGCTCCCACATATGAGACAAGTGGCC	1267
QY	1337	CTTGCCTCGAGAAAGCCGATGACTCTGGGATTCGATTAACAAGCGGAAAGATGACTTT	1396
Db	1261	TTGCGCATCGCAGATATGAGAGAGCTGGGCGCTGCACTCTGTGACCAACAGGTGACTTT	1322
QY	1397	GCAACACTATATGATGTATGTCAATGATGTCTTCGGGTTAAAGAGCAGGAGTCAAT	1456
Db	1321	GGAAGACTGTAGGCATGTGTGTACCAAGATCAGCTTCCCGCTGGGCCAGGCCGCTACCC	1387
QY	1457	GTTAGCAAGTACATGCGTTTGGACCCGTCGCAACCGCTATACCGTATCTTCTCGACGC	1514
Db	1381	GTGTACAAAGTACGTGCTTATGAGCCCGGTGATGAGAGTGCTGCGCTCTTGTCCCGCT	1440
QY	1517	GCTTATGAGAAACCGGGAATGATGTGCCACCGAGCTCATAGACGTCAACTCATAGAGAT	1576
Db	1441	GCCCTGAGAAACGACGCTCATGAAAGGACCCCATCGGAGCGGACTGTGTGGCTG	1507
QY	1577	GAACTTAAGAGAG 1590	
Db	1501	GAGCTCTTAGGCG 1514	
RESULT 4			
US-09-277-262-9			
: Sequence 9, Application US/09277262			
: Patent No. 6395482			
GENERAL INFORMATION:			
APPLICANT: Karaylorgou, Maria			
APPLICANT: Gogos, Joseph A			
TITLE OF INVENTION: METHODS OF DETERMINING A SUSCEPTIBILITY TO OR PRESENCE			
TITLE OF INVENTION: OF SCHIZOPHRENIA, OR A DISEASE OR DISORDER RELATED			
FILE REFERENCE: 600-1-223 CIP			
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/277,262			
CURRENT FILING DATE: 1999-03-26			
EARLIER FILING DATE: 1999-01-13			
NUMBER OF SEQ ID NOS: 9			
: SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0			
: SEQ ID NO 9			
: LENGTH: 2389			
: TYPE: DNA			
: ORGANISM: Homo sapiens			
US-09-277-262-9			

Query Match	5.8%	Score 107.2;	DB 4;	Length 2389;
Best Local Similarity	47.7%;	Pred. No. 1.3e-20;		
Matches 350;	Conservative	0;	Mismatches 378;	Indels 6;
			Gaps	1
Ox	857	CCGTTAACCCGGAAAGAGAGAGCTCCAGACGCTCATGGAAGATTCAAGAAATC		916

Db	1233	CGGTTCACTAGAGAGGAGGAGACTACATGATACCGAGATGTGTACAGCGGAGTGAATGTCCTG	1232
Qy	917	TGTAGAAATATGCCAAGAGTCCAAATGTATACCAATGTGTATGATATGCGGAAGAACAATCTCTC	976
Db	1293	GCCAAAGAAAGCCACAGAGAGATGGCGGTGCGGCTGATAGTGTGATATGCCAGACACTTACTTC	1352
Qy	977	CAACCCCGCATTCGATTTATCATGGCTTATTCATTCGGGATTCATGTTCAATGCTGCACAAAGAC	1036
Db	1353	CAGCCGGCCATACAGCCGCTGACCGCTGAGATGACAGCGAAGTTCAATGTGTGAATA----	1408
Qy	1037	CGAACCAATTCGTTTACACACGATTCAGCGGCTACTTGAGACGCGCGGAGAGACTGCAT	1096
Db	1409	--GCCGCTCATCTTCAACACATACCAAGTGTACTCTCAAGATGCTCTTATGACAAATGTAC	1466
Qy	1097	TTGGCAGTACAAATGCTGAGAAAGAAATGTTCTATGCGGTTCAAGTTGTGTAGAGGG	1156
Db	1467	CTGGACGTGAGAGCTGGCTCGCCGTCGAGGGCTGGTGTGTTGGGGCCAAAGCTGTGTGGGGGC	1522
Qy	1157	GCTTACATATCTACGCAACGTAAGTTGGCGGATTCCTCGGTTGCCAAGTGGCCAGTCCAC	1216
Db	1527	GCAATACCTGGCCGAGGAGCAGCCCGTCGGCAGAGATCGCTATGAGAACCCCATCAAC	1588
Qy	1217	GACACAATTCCAGATCACTCACTCTGTGTACATGATTGTATGACATTCCTGATGAGAAA	1276
Db	1587	CCCAACGATCAGAGGCCAACAAAGCCATGTATCCACAGAGTGCCTGACTAGTGTGAGAGAG	1646
Qy	1277	GCATCAAAAGGTTTGTGTTTGGTGTGTGTTCTGCCAACACATAAGCTGATTTCCGGGAGA	1333
Db	1647	CTGAGACACAAACGCCAAAGCCCAAGGTATGTGTGCTCTCCCAATGAGAACACAGTGGCC	1706
Qy	1337	CTTTCGTCGAGGAAGCGAGTGAACCTCGGGATCATATAACGAACGGGAGATAGAGTTT	1396
Db	1707	TTCCCACTCGCCAGAGATGAGAGAACTGGGCTGTGATCTGTGTGACACAAAGTGTACTTT	1766
Qy	1397	GCACAGCTATATGTGTATGTCAAGATGCAATGTCTCTTCGGGTTAAAGAGACAGGTTCAAT	1456
Db	1767	GGAACGCTGTGAGCAATGTGTGACACAGTACAGCTTCGCTCGGCGCAGAGCCGGCTACCCC	1822
Qy	1457	GTTAGCAAGTACATAGCCGTTTGGACCCGTCGCAACCGCTATACCGTATCTTCTCCAGCGC	1516
Db	1827	GTGTACAAAGTACGTGGCCTTAGAGCCCGGTATGTGAGAGTGTGCTTACTTGTCCCGCGGT	1888
Qy	1517	GCTTATAGAACCGGGAGATGATGGCCACCGAGACTATGACCGTCAACTATGAGATG	1578
Db	1887	GCCCTGAGGAACACAGAGCTCATGAAAGGCAACCCATCGGAGCGCAGTTGCTGTGGCTG	1946
Qy	1577	GAACTTAAGAGAG	1590
Db	1947	GAGCTCTTGAAGCG	1960

```

1      RESULT 5
2      US-09-023-655-378
3      ; Sequence 378, Application US/09023655
4      ; Patent No. 6607879
5      ;
6      ; GENERAL INFORMATION:
7      ;
8      ; APPLICANT: Cocks, Benjamin G.
9      ; APPLICANT: Susan G. Stuart
10     ; APPLICANT: Jeffrey J Sellhammer
11     ; TITLE OF INVENTION: COMPOSITION FOR THE DETECTION OF BLOOD CELL GENES
12     ; TITLE OF INVENTION: EXPRESSION
13     ; NUMBER OF SEQUENCES: 1508
14     ;
15     ; CORRESPONDENCE ADDRESS:
16     ; ADDRESSEE: INCYTE PHARMACEUTICALS, INC.
17     ;
18     ; STREET: 3174 PORTER DRIVE
19     ; CITY: PALO ALTO
20     ; STATE: CALIFORNIA
21     ; COUNTRY: USA
22     ; ZIP: 94304
23     ;
24     ; COMPUTER READABLE FORM:
25     ; MEDIUM TYPE: Floppy disk
26     ; COMPUTER: IBM PC compatible
27     ; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
28     ;

```


RESULT 7

US-08-232-463-14/c
; Sequence 14, Application US/08232463
; Patent No. 5670367
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: DORNER, F.
; APPLICANT: SCHEIFLINGER, F.
; APPLICANT: FALKNER, F.G.
; TITLE OF INVENTION: RECOMBINANT FOXP2 VIRUS
; NUMBER OF SEQUENCES: 52
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: Foley & Lardner
; STREET: 1800 Diagonal Road, Suite 500
; CITY: Alexandria
; STATE: VA
; COUNTRY: USA
; ZIP: 22313-0299
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: Patent Release #1.0, Version #1.25
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/232,463
; FILING DATE:
; CLASSIFICATION: 435
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/07/935,313
; FILING DATE:
; APPLICATION NUMBER: EP 91 114 300.6
; FILING DATE: 26-AUG-1991
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: BENT, Stephen A.
; REGISTRATION NUMBER: 29,768
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: 30472/114 IMMU
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (703) 836-9300
; TELEFAX: (703) 683-4109
; TELEX: 899149
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 14:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 7218 base pairs
; TYPE: nucleic acid
; STRANDEDNESS: single
; TOPOLOGY: linear
; IMMEDIATE SOURCE:
; CLONE: pTZgpc-Fls
; US-08-232-463-14

Query Match 2.7%; Score 48.8; DB 1; Length 7218;
Best Local Similarity 2.8%; Pred. No. 0.0019;
Matches 11; Conservative 219; Mismatches 156; Indels 0; Gaps 0;

1332 GGAGAGCTGCGTGCAGGAACGAGTGCCTGCGGATGATTAACAGACGAGAGATAG 1391
1448 GAGAAATTTGTACRR 1389
1392 AGTTGACAGCTATATGATGTGACATGCTTGCCTTCGGTTAAAGAGCAGGCT 1451
1388 RRR 1329
1452 TCATGTTAGACAGATGACATGCGTTTGACCGCGTGCAGACGCGATATCTCTCC 1511
1338 RRR 1269
1512 GACGCGCTTATGAGAACCGGGAATGATGCGCACCGAGCTCATGACCGTCAACTATGA 1571
1268 RRR 1209
1572 GAGTGAAGCTTAAGAGAGATTATCGCCGGATTGCGTAAAGAGAGATGAGAGCTG 1631
1208 RRR 1149

RESULT 8

US-08-737-825-1
; Sequence 1, Application US/08737825
; Patent No. 5871922
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: SALMOND, GEORGE PEACOCK COPELAND
; APPLICANT: MCCORMAN, SIMON JAMES
; APPLICANT: SEBASTIA, MOHAMED
; APPLICANT: COX, ANTHONY RICHARD JOHN
; APPLICANT: HOLDEN, MATTHEW THOMAS GEOFFREY
; APPLICANT: PORTER, LAUREN ELIZABETH
; APPLICANT: BYCROFT, BARRIE WALSHAM
; APPLICANT: WILLIAMS, PAUL
; APPLICANT: STEWART, GORDON SIDNEY ANDERSON BIRNIE
; TITLE OF INVENTION: GENES INVOLVED IN THE BIOSYNTHETIC PATHWAY OF CARBAPENEM
; NUMBER OF SEQUENCES: 12
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: Birch, Stewart, Kolasch & Birch, LLP
; STREET: P.O. Box 747
; CITY: Falls Church
; STATE: Virginia
; COUNTRY: USA
; ZIP: 22040-0747
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: MICROSOFT WORD97
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/737,825
; FILING DATE: 03-JUN-1997
; CLASSIFICATION: 435
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: SVENSSON, LEONARD R.
; REGISTRATION NUMBER: 30,330
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: 1009-0105P
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (703) 205-8000
; TELEFAX: (703) 205-8050
; TELEX: 248345
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 8341 base pairs
; TYPE: nucleic acid
; STRANDEDNESS: single
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
; HYPOTHETICAL: NO
; ANTI-SENSE: NO
; ORIGINAL SOURCE:
; ORGANISM: Ertwinia carotovora
; US-08-737-825-1

Query Match 2.6%; Score 48.2; DB 2; Length 8341;
Best Local Similarity 51.6%; Pred. No. 0.003;
Matches 110; Conservative 0; Mismatches 103; Indels 0; Gaps 0;

1393 GTTGAACAGCTATATGATGTGACATGCTTGCCTTCGGTTAAAGAGACGAGGTT 1452
5675 GGTAGCCAGCTTTCAGGTTGGGAGATCATATTAATTCGCTGCAACCGGTTT 5734
1453 CAATGTTGAAGTACATGCGTTTGACCGGTGCAACCGCTATACCGTATCTTCTCG 1512
5735 CCGGTGTGCAATATCTGCTTACGCTCCGCTGATAGTGTGCTTACTTACTCG 5794

QY 1513 ACGGCTTATGAGACCGGGAAATGATGCGCACCGGAGCTCATGACCTGACTCATGAG 1572
Db 5795 CAGATTGAAAGACGCGGGTTCCTCGGCACCTTCACAAAAGAAATTAATCTTGCA 5854
QY 1573 GATGAACTTAAGAGAGATTAATCGCCGGAT 1605
Db 5855 GAAGAGTTGCTGGCGCTCTCGTAGAGAGGAT 5887

RESULT 9
US-09-645-055-56
; Sequence 56, Application US/09645055
; Patent No. 6599701
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: CLARITY BIOSCIENCES, INC.
; APPLICANT: Honeycutt, Rhonda
; APPLICANT: McClelland, Michael
; TITLE OF INVENTION: IDENTIFYING ORGANISMS BY DETECTING
; FILE REFERENCE: 475402000100
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/645,055
; PRIOR FILING DATE: 2000-08-23
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/150,977
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 59
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 56
; LENGTH: 1393
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Aspergillus niger
US-09-645-055-56

Query Match 2.5%; Score 45.6; DB 4; Length 1393;
Best Local Similarity 56.8%; Pred. No. 0.0058;
Matches 84; Conservative 0; Mismatches 64; Indels 0; Gaps 0;

QY 1578 AACTTAAGAGAGATTAATCGCCGGATGCGTAAAGAGAGATGAGCCATTAAATG 1637
Db 667 AACTTGTGACTTATTATTAAGAGAAATGCTCAAAACATAGTGTGATTAATGTAATG 726
QY 1638 AATTGGGAATGTGATGATTAATTTCTTATGATGATTAAGAAATGAAAAA 1697
Db 727 AATTGAGATGAGAGATTAATTAATTTGAAAAATATTTCCCTATTGATCTATA 786
QY 1698 AATTATATATTAAGAAATGAGTAGTA 1725
Db 787 CATTAATTAATAAAAAATCTACTAGTA 814

RESULT 10
US-09-645-055-55
; Sequence 55, Application US/09645055
; Patent No. 6599701
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: CLARITY BIOSCIENCES, INC.
; APPLICANT: Honeycutt, Rhonda
; APPLICANT: McClelland, Michael
; TITLE OF INVENTION: IDENTIFYING ORGANISMS BY DETECTING
; FILE REFERENCE: 475402000100
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/645,055
; PRIOR FILING DATE: 2000-08-23
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/150,977
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 59
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 55
; LENGTH: 1481
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Aspergillus niger
US-09-645-055-55

Query Match 2.5%; Score 45.6; DB 4; Length 1481;
Best Local Similarity 56.8%; Pred. No. 0.0061;
Matches 84; Conservative 0; Mismatches 64; Indels 0; Gaps 0;

QY 1578 AACTTAAGAGAGATTAATCGCCGGATGCGTAAAGAGAGATGAGCCATTAAATG 1637
Db 697 AACTTGTGACTTATTATTAAGAGAAATGCTCAAAACATAGTGTGATTAATGTAATG 756
QY 1638 AATTGGGAATGTGATGATTAATTTCTTATGATGATTAAGAAATGAAAAA 1697
Db 757 AATTGAGATGAGAGATTAATTAATTTGAAAAATATTTCCCTATTGATCTATA 816
QY 1698 AATTATATATTAAGAAATGAGTAGTA 1725
Db 817 CATTAATTAATAAAAAATCTACTAGTA 844

RESULT 11
US-10-204-708-40/c
; Sequence 40, Application US/10204708
; Patent No. 6677731
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: OLEK, Alexander
; APPLICANT: BERLIN, Kurt
; APPLICANT: PIERNEBROCK, Christian
; TITLE OF INVENTION: Diagnosis of Diseases Associated with DNA Replication
; FILE REFERENCE: 5013.1012
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/204,708
; PRIOR FILING DATE: 2003-05-06
; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/EP01/03971
; PRIOR FILING DATE: 2001-04-06
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10019058.8
; PRIOR FILING DATE: 2000-04-06
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10019173.8
; PRIOR FILING DATE: 2000-04-07
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10032529.7
; PRIOR FILING DATE: 2000-06-30
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10043826.1
; PRIOR FILING DATE: 2000-09-01
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 98
; SEQ ID NO 40
; LENGTH: 19513
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Artificial Sequence
; FEATURE:
; OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
US-10-204-708-40

Query Match 2.5%; Score 45.6; DB 4; Length 19513;
Best Local Similarity 60.5%; Pred. No. 0.028;
Matches 75; Conservative 0; Mismatches 49; Indels 0; Gaps 0;

QY 22 ATAAACCGAATCATACCAACAAAAAAGAGAGAAATTAATTTTGT 81
Db 3020 ATTAACTTACATATACCTTATCTATACACCAAAAAATATATCTTTTTTTTTT 2961
QY 82 TTGCTTCAAAACAAATCTTGAATTTTATGCAACCGCTCTCCGAAACACTT 141
Db 2960 TTTTCTTTTAAACAAATATATACATCTTATCCATCAATCTTAACCTCTAACTC 2901
QY 142 TATC 145
Db 2900 AAAC 2897

RESULT 12
US-08-487-826B-13
; Sequence 13, Application US/08487826B
; Patent No. 593827
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Sim, Kim L.
; APPLICANT: Chitnis, Chetan

APPLICANT: Miller, Louis H.
APPLICANT: Peterson, David S.
APPLICANT: Su, Xin-zhaun
APPLICANT: Wellens, Thomas E.
TITLE OF INVENTION: BINDING DOMAINS FROM PLASMODIUM VIVAX
TITLE OF INVENTION: AND PLASMODIUM FALCIPARUM ERYTHROCYTE BINDING PROTEINS
NUMBER OF SEQUENCES: 45
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESSER: Knobbe Martens Olson & Bear
STREET: 620 Newport Center Drive 16th Floor
CITY: Newport Beach
STATE: California
COUNTRY: US
ZIP: 92660
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.25
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/487,826B
FILING DATE: 10-SEP-1993
CLASSIFICATION: 435
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Israelson, Ned
REGISTRATION NUMBER: 29,655
REFERENCE/DOCKET NUMBER: NIH121.001CP1
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: (619) 235-8550
TELEFAX: (619) 235-0176
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 13:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 19124 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: single
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: CDNA
HYPOTHETICAL: NO
ANTI-SENSE: NO
US-08-487-826B-13

Query Match 2.3%; Score 42.6; DB 2; Length 19124;
Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 0.2;
Matches 90; Conservative 0; Mismatches 79; Indels 0; Gaps 0;

QY 1637 GAATTGGGAATGATGATGAATTAATTTCTTGTATGATGTTTAAAGAAATTTGAAAAA 1696
DB 4904 GAAAAATTCATTAATTAATTAATTAATTTTGTATGATGATTAATTAATTAATTAATTA 4963
QY 1697 AATTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTCTGCTGCTAATTAATTTTTCAT 1756
DB 4964 AAAAAACAGAACAAATTAATTAATTAATTAATTTCTGTAATGATTAATTAATTAAT 5023
QY 1757 GAGGAGCTATGTTTCTTACTATCAATATATCAATTCACAAATGATATTC 1805
DB 5024 TATATAAATGTTTATTTTATCTTAATAAAGGTTCCATTAATAACATTAA 5072

RESULT 13
US-08-307-499-51
Sequence 51, Application US/08307499
Patent No. 5651972
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Moyer, Richard W.
APPLICANT: Vi uela, Eladio
APPLICANT: Gibbs, E.P.J.
TITLE OF INVENTION: Use of Recombinant Swine Poxvirus as a
TITLE OF INVENTION: Live Vaccine Vector
NUMBER OF SEQUENCES: 60
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESSER: David R. Salivanchik
STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
CITY: Gainesville

STATE: Florida
COUNTRY: U.S.A.
ZIP: 32606
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.25
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/307,499
FILING DATE:
CLASSIFICATION: 435
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US 07/908,241
FILING DATE: 1-JUL-1992
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US 07/908,630
FILING DATE: 29-JUN-1992
CLASSIFICATION: 435
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US 07/342,212
FILING DATE: 21-APR-1992
CLASSIFICATION: 435
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Salivanchik, David R.
REGISTRATION NUMBER: 31,794
REFERENCE/DOCKET NUMBER: UF35.1.FWCC1
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: 904-375-8100
TELEFAX: 904-372-5800
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 51:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 810 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: double
TOPOLOGY: unknown
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
US-08-307-499-51

Query Match 2.3%; Score 41.6; DB 1; Length 810;
Best Local Similarity 49.1%; Pred. No. 0.061;
Matches 110; Conservative 0; Mismatches 114; Indels 0; Gaps 0;

QY 1610 TAAAGAGAGTATGAGGCAATTAATGAATGGGAAATGATGATTAATTTCTTC 1669
DB 387 TATTTGGGATTCCTGATACCTATATCAATTCGATATGCTATATTAATTAATTTTC 446
QY 1670 TATGATGTTTAAGAAATTTGAAACAAAAATTAATTAATTAAGAAATGAGTAGTAAGAA 1729
DB 447 TAGAGTGTATGATTAAGAAATGAGAGCAAGATTAATCTATAAATTTGATTAATGAT 506
QY 1730 CATTTCTGCTGCTAATTAATTTTTCATGAGGAGCTATGTTTACTATCAATATATCAT 1789
DB 507 TGTGTATGTTCTCTAATTAATGATGATTCGCTCTATATGTTCTTAATGATAGGAGCAT 566
QY 1790 CACAAATGATATTCACCTTATCAATTAATAATGCTTTTACTTT 1833
DB 567 TGTAGCTATATACATCTAATTAATTTAGACATCTGCTCT 610

RESULT 14
US-09-299-268-51
Sequence 51, Application US/09299268
Patent No. 6217882
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Moyer, Richard W.
APPLICANT: Vi uela, Eladio
APPLICANT: Gibbs, E.P.J.
TITLE OF INVENTION: Use of Recombinant Swine Poxvirus as a
TITLE OF INVENTION: Live Vaccine Vector
NUMBER OF SEQUENCES: 60
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESSER: David R. Salivanchik

STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
CITY: Gainesville
STATE: Florida
COUNTRY: U.S.A.
ZIP: 32606
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: Patent Release #1.0, Version #1.25
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/09/299,268
FILING DATE:
CLASSIFICATION:
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: 08/901,127
FILING DATE:
APPLICATION NUMBER: US 07/908,241
FILING DATE: 1-JUL-1992
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US 07/908,630
FILING DATE: 29-JUN-1992
CLASSIFICATION:
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US 07/342,212
FILING DATE: 21-APR-1992
CLASSIFICATION:
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Saliwanchik, David R.
REGISTRATION NUMBER: 31,794
REFERENCE/DOCKET NUMBER: UP35.1.FWCCL
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: 904-375-8100
FAX: 904-372-5800
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 810 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: double
TOPOLOGY: unknown
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
US-09-299-268-51

Query Match 2.3% Score 41.6; DB 3; Length 810;
Best Local Similarity 49.1%; Pred. No. 0.061;
Matches 110; Conservative 0; Mismatches 114; Indels 0; Gaps 0;

DB 1610 TAAAGAGAGTATGAGCCATTAAATGAAATGGGAAATGATGATGAATTAATTTCTTC 1669
387 TATATTGGGATTCCTGATACCTATATCATATTCGATATGCTATATAGAAATTTTTC 446
1670 TATGATGTTTAAAGAAATTTGAAACAAAATTTATATATAGAAATGAGTACTAGAA 1729
447 TACAGTGGTATGATTAAGAAATAGACGAAATATTAATCTATATAAATTTGATTAATGAT 506
1730 CATTTCCGTGGCTAAATATTTTCATGAGGACTATGTTTACTATCAATATATCATTT 1789
507 TGTGATATGTTCTGATATATTTGATTCGCTTATATGTTTATATGATGACGAGAT 566
1790 CACAAATGATATATTCACCTTATCAATATAAATGCTTTTACTTT 1833
567 TGTAGCTTATATATCATCTATATATTTAGACATCTGTGCTCT 610

Db 567 TGTAGCTTATATATCATCTATATATTTAGACATCTGTGCTCT 610

RESULT 15
US-08-307-499-1/C
Sequence 1, Application US/08307499
Patent No. 5651972
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Moyer, Richard W.
APPLICANT: Vi uela, Eladio
APPLICANT: Gibbs, E. P. J.
TITLE OF INVENTION: Use of Recombinant Swine Poxvirus as a

TITLE OF INVENTION: Live Vaccine Vector
NUMBER OF SEQUENCES: 60
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESSEE: David R. Saliwanchik
STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
CITY: Gainesville
STATE: Florida
COUNTRY: U.S.A.
ZIP: 32606
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: Patent Release #1.0, Version #1.25
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/307,499
FILING DATE:
CLASSIFICATION: 435
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US 07/908,241
FILING DATE: 1-JUL-1992
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US 07/908,630
FILING DATE: 29-JUN-1992
CLASSIFICATION: 435
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US 07/342,212
FILING DATE: 21-APR-1992
CLASSIFICATION: 435
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Saliwanchik, David R.
REGISTRATION NUMBER: 31,794
REFERENCE/DOCKET NUMBER: UP35.1.FWCCL
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: 904-375-8100
FAX: 904-372-5800
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 14176 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: double
TOPOLOGY: unknown
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: 3852..4226
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: 4585..4887
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: 5131..5310
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: 5760..5912
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: 6786..7130
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: 10148..10513

US-08-307-499-1

Query Match 2.3% Score 41.6; DB 1; Length 14176;
Best Local Similarity 49.1%; Pred. No. 0.33;
Matches 110; Conservative 0; Mismatches 114; Indels 0; Gaps 0;

DB 1610 TAAAGAGAGTATGAGCCATTAAATGAAATGGGAAATGATGATGAATTAATTTCTTC 1669
1820 TATATTGGGATTCCTGATACCTATATCATATTCGATATGCTATATAGAAATTTTTC 1761
1670 TATGATGTTTAAAGAAATTTGAAACAAAATTTATATATAGAAATGAGTACTAGAA 1729

Db 1760 TACAGTGTAGATTAGAAATAGACGAAGTATAAATCTAATAAATGTATTATGAT 1701
 QY 1730 CATTTCCTGTGGCTAAATATTTTTCATGAGGACIAAGTTTACTATCAATATATCAT 1789
 Db 1700 TGTGTATGTCTCTAATATATGATTCGCTCTAATATGTTCTAATATGATAGCGAGAT 1641
 QY 1790 CACAATGTATATTCACCTTATCATTAATAAATGCTTTTACTTT 1833
 Db 1640 TGTAGCTTAATAACATCTAATAATTTAGACATCTGTGCTCT 1597

Search completed: March 10, 2004, 12:07:08
 Job time : 133.386 secs

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2004 CompuGen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: March 10, 2004, 10:27:40 ; Search time 598.434 Seconds
(Without alignments)
11202.698 Million cell updates/sec

Title: US-10-026-767-3

Sequence: 1 agcgtttagaataaaacagc.....ataaaatgctttcttctt 1833

Scoring table: IDENTITY NUC
Gapop 10.0, Gapext 1.0

Searched: 2421054 seqs, 1828716029 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 4842108

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database : Published Applications NA:*

1: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US07_PUBCOMB.seq:*
2: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/PTCT_NEW_PUB.seq:*
3: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US06_NEW_PUB.seq:*
4: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US06_PUBCOMB.seq:*
5: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US07_NEW_PUB.seq:*
6: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/PTCTUS_PUBCOMB.seq:*
7: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US08_NEW_PUB.seq:*
8: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US09_PUBCOMB.seq:*
9: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US09A_PUBCOMB.seq:*
10: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US09C_PUBCOMB.seq:*
11: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US09C_PUBCOMB.seq:*
12: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US09_NEW_PUB.seq:*
13: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10A_PUBCOMB.seq:*
14: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10B_PUBCOMB.seq:*
15: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10C_PUBCOMB.seq:*
16: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10_NEW_PUB.seq:*
17: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US60_NEW_PUB.seq:*
18: /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US60_PUBCOMB.seq:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
score greater than or equal to the score of the result being printed,
and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	ID	Description
1	1833	100.0	1833	14 US-10-026-767-3	Sequence 3, Appl1
2	1457.8	79.5	1461	9 US-09-938-842A-1411	Sequence 111, Ap
3	1457.8	79.5	1461	11 US-09-938-842A-1411	Sequence 141, Ap
4	1280.6	69.9	1339	9 US-09-770-445-11	Sequence 11, Appl
5	438.4	23.9	475	9 US-09-770-444-56	Sequence 56, Appl
6	315.2	17.2	1001	12 US-10-424-599-116395	Sequence 116395,
7	294.8	16.1	2000	12 US-10-424-599-91151	Sequence 91151, A
8	158.6	8.7	806	12 US-10-424-599-30413	Sequence 30413, A
9	151	8.2	2000	9 US-09-938-842A-4104	Sequence 4104, Ap
10	151	8.2	2000	11 US-09-938-842A-4104	Sequence 4104, Ap
11	125.8	6.9	609	12 US-10-424-599-27121	Sequence 27121, A
12	123.6	6.7	1494	13 US-10-119-635-3	Sequence 3, Appl1
13	123.6	6.7	2240	13 US-10-119-635-7	Sequence 7, Appl1
14	119.4	6.5	121	15 US-10-307-005-989	Sequence 989, Appl
15	119.4	6.5	121	15 US-10-307-005-990	Sequence 990, Appl

16	119.4	6.5	121	15 US-10-307-005-997	Sequence 997, Appl
17	119.4	6.5	121	15 US-10-307-005-998	Sequence 998, Appl
18	119.4	6.5	121	15 US-10-307-005-1001	Sequence 1001, Ap
19	119.4	6.5	121	15 US-10-307-005-1002	Sequence 1002, Ap
20	119.4	6.5	121	15 US-10-307-005-1005	Sequence 1005, Ap
21	119.4	6.5	121	15 US-10-307-005-1006	Sequence 1006, Ap
22	117.8	6.4	121	15 US-10-307-005-993	Sequence 993, Appl
23	117.8	6.4	121	15 US-10-307-005-994	Sequence 994, Appl
24	117.8	6.4	780	12 US-10-424-599-30414	Sequence 30414, A
25	111.4	6.1	992	12 US-10-424-599-115698	Sequence 115698,
26	107.2	5.8	1551	13 US-10-119-635-1	Sequence 1, Appl1
27	107.2	5.8	2389	15 US-10-119-635-9	Sequence 9, Appl1
28	105.8	5.8	2565	15 US-10-104-047-285	Sequence 285, Appl
29	89.2	4.9	435	12 US-10-424-599-62358	Sequence 62358, A
30	80.8	4.4	335	12 US-10-425-114-10387	Sequence 10387, A
31	68	3.7	567	9 US-09-917-800A-1203	Sequence 1203, Ap
32	58.8	3.2	465	10 US-09-918-995-4291	Sequence 4291, Ap
33	57.4	3.1	413	9 US-09-960-352-14086	Sequence 14086, A
34	53.4	2.9	433	9 US-09-917-800A-231	Sequence 231, Appl
35	49.8	2.7	3673778	14 US-10-312-841-1	Sequence 1, Appl1
36	48.8	2.7	1438	15 US-10-369-493-79906	Sequence 29906, A
37	46.8	2.6	5539	14 US-10-240-485-179	Sequence 179, Appl
38	46.4	2.5	7589	14 US-10-240-453-263	Sequence 263, Appl
39	45.6	2.5	19513	12 US-10-221-613-206	Sequence 206, Appl
40	45.6	2.5	19513	14 US-10-204-708-40	Sequence 40, Appl1
41	45.2	2.5	5250	14 US-10-311-455-2175	Sequence 2175, Ap
42	45.2	2.5	139257	10 US-09-920-671-11	Sequence 11, Appl
43	45	2.5	6112	14 US-10-311-455-636	Sequence 636, Appl
44	45	2.5	14649	14 US-10-239-676-121	Sequence 121, Appl
45	45	2.5	14649	14 US-10-240-453-141	Sequence 141, Appl

ALIGNMENTS

RESULT 1
US-10-026-767-3
Sequence 3, Application US/10026767
Publication No. US20030014774A1
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Hitachi, LTD.
APPLICANT: Japan International Research Center for Agricultural Science
APPLICANT: Bio-oriented Technology Research Advancement Institute (BRAIN)
TITLE OF INVENTION: Transgenic rice plant and its family with environmental
TITLE OF INVENTION: Stress resistant by proline accumulation of high level and its
FILE OF INVENTION: production.
FILE REFERENCE: NT01P0353
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/026,767
CURRENT FILING DATE: 2001-12-27
NUMBER OF SEQ ID NOS: 3
SEQ ID NO 3
LENGTH: 1833
TYPE: DNA
ORGANISM: Arabidopsis thaliana
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: 113...1612
AUTHORS: Tomohiro Kiyasu, Yoshu Yoshida, Kazuko Yamaguchi-
AUTHORS: Shinobu Kiyasu, Kazuo Shinobu
TITLE: Title: A nuclear gene encoding mitochondrial proline
TITLE: dehydrogenase, an enzyme involved in proline metabolism, is
TITLE: upregulated by proline but downregulated by dehydration in
TITLE: Arabidopsis
JOURNAL: The Plant Cell
VOLUME: 8
PAGES: 1323-1335
DATE: 1996-05-27
DATABASE ACCESSION NUMBER: D83025
DATABASE ENTRY DATE: 1995-12-25
US-10-026-767-3
Query Match 100.0%, Score 1833, DB 14, Length 1833,

PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/300,111
 PRIOR FILING DATE: 2001-06-22
 NUMBER OF SEQ ID NOS: 5379
 SEQ ID NO 1411
 LENGTH: 1461
 TYPE: DNA
 ORGANISM: Arabidopsis thaliana
 US-09-938-842A-1411

Query Match 79.5%; Score 1457.8; DB 9; Length 1461;
 Best Local Similarity 99.9%; Pred. No. 0;
 Matches 1459; Conservative 0; Mismatches 2; Indels 0; Gaps 0;

QY 152 TCTTACCGTTTACCGGCTTTAGCCGGTGGTCTCTCCACCGTGAAGTCTTCCACCGC 211
 Db 1 TCTTACCGTTTACCGGCTTTTACCGGCTGGTCTCTCCACCGTGAAGTCTTCCACCGC 60
 QY 212 GTGCTCCGAGAGATTCTCTCTTTGACCAACAGACACCGAACCACTCTTCCACCGCA 271
 Db 61 GTGCTCCGAGAGATTCTCTCTTTGACCAACAGACACCGAACCACTCTTCCACCGCA 120
 QY 272 AAACCCACGAGAGATCTCAAGATGCTGATCTCTCCGATCAAGCCGCTTTTCTCC 331
 Db 121 AAACCCACGAGAGATCTCAAGATGCTGATCTCTCCGATCAAGCCGCTTTTCTCC 180
 QY 332 TCTATCCCAACTCTGATCTCTCTCCGTTCCACCGCGTGTGATGCGGCGATAGGT 391
 Db 181 TCTATCCCAACTCTGATCTCTCTCCGTTCCACCGCGTGTGATGCGGCGGATAGGT 240
 QY 392 CCGATGTCGACCTTGAAGAGTGGGTCTATAGCTTAACTTATGAGCGCTTCCGTAAG 451
 Db 241 CCGATGTCGACCTTGAAGAGTGGGTCTATAGCTTAACTTATGAGCGCTTCCGTAAG 300
 QY 452 CGTGACGATGTTTGAAGGCTTGAAGAGTACCTTTTATGACCTTTTGGCGCGGTGA 511
 Db 301 CGTGACGATGTTTGAAGGCTTGAAGAGTACCTTTTATGACCTTTTGGCGCGGTGA 360
 QY 512 GATGCCGACGACGCGCTGAGCGGCTGAGAGCGTTTATGAGCTTACCTGCTTAAAGG 571
 Db 361 GATGCCGACGACGCGCTGAGCGGCTGAGAGCGTTTATGAGCTTACCTGCTTAAAGG 420
 QY 572 ATGCTTGTCTATGGCGTGAACAAGCGGATGAGCGCTGATCTGTATGATTAATGACA 631
 Db 421 ATGCTTGTCTATGGCGTGAACAAGCGGATGAGCGCTGATCTGTATGATTAATGACA 480
 QY 632 CAATTCATTCGAACCAATTGAAGCTGCCAAATCTTTACCAACATCTCACTTATAGTCA 691
 Db 481 CAATTCATTCGAACCAATTGAAGCTGCCAAATCTTTACCAACATCTCACTTATAGTCA 540
 QY 692 GTTGTGAAGTAACTGGCAATTTGTCCAAATAGCTTCTTGAAGAGAGTGAAGCTGCTG 751
 Db 541 GTTGTGAAGTAACTGGCAATTTGTCCAAATAGCTTCTTGAAGAGAGTGAAGCTGCTG 600
 QY 752 CGGTGGATATCAAAAGTCCGAACCTTCAAACTCTCAATGAGAGCTCAAAATCGTTCCG 811
 Db 601 CGGTGGATATCAAAAGTCCGAACCTTCAAACTCTCAATGAGAGCTCAAAATCGTTCCG 660
 QY 812 TTCTCCGAATCGAGTCTCTCTTACCAACAACCTCAAGACCGGACCTTAAACCGGGA 871
 Db 661 TTCTCCGAATCGAGTCTCTCTTACCAACAACCTCAAGACCGGACCTTAAACCGGGA 720
 QY 872 GAAGAAAGGAGGCTCGAAGAGCTCATGAAAGATCAAGAAATCTGTAGGAATGCCAA 931
 Db 721 GAAGAAAGGAGGCTCGAAGAGCTCATGAAAGATCAAGAAATCTGTAGGAATGCCAA 780
 QY 932 GAGTCCATGATACCATGTTGATGATGCGAAGACCAATCTCCAAACCGGAGATGAT 991
 Db 781 GAGTCCATGATACCATGTTGATGATGCGAAGACCAATCTCCAAACCGGAGATGAT 840
 QY 992 TACATGCTTATCATGCGGAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1051
 Db 841 TACATGCTTATCATGCGGAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 900

QY 1052 AACAGATTGAGGCGTACTTGAAGAGCGCGGTGAGAGACTGATTTGGAGTACAAAT 1111
 Db 901 AACAGATTGAGGCGTACTTGAAGAGCGCGGTGAGAGACTGATTTGGAGTACAAAT 960
 QY 1112 GCTGAGAAAGAGATGTTCTTATGAGGCTTCAAGTTGTTGAGAGGCGCTTACATGCTTAC 1171
 Db 961 GCTGAGAAAGAGATGTTCTTATGAGGCTTCAAGTTGTTGAGAGGCGCTTACATGCTTAC 1020
 QY 1172 GAAGTGAAGTGGGAGTCCCTGGGTTGCAAGTGGGAGTGGGAGTGGGAGTGGGAGTGG 1231
 Db 1021 GAAGTGAAGTGGGAGTCCCTGGGTTGCAAGTGGGAGTGGGAGTGGGAGTGGGAGTGG 1080
 QY 1232 ACTGACTCTTGTAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1291
 Db 1081 ACTGACTCTTGTAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1140
 QY 1292 GGTTCGGTGTCTTCTGCAACATTAAGCTGATTCGGGAGACCTTGGCTCGAGGAA 1351
 Db 1141 GGTTCGGTGTCTTCTGCAACATTAAGCTGATTCGGGAGACCTTGGCTCGAGGAA 1200
 QY 1352 GCGAGTGAAGTGGGATGATTAACAGAGCGGAAATAGATTGACAGCTATATGT 1411
 Db 1201 GCGAGTGAAGTGGGATGATTAACAGAGCGGAAATAGATTGACAGCTATATGT 1260
 QY 1412 ATGTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1471
 Db 1261 ATGTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1320
 QY 1472 CGGTTCGAGCGGCTGCAACCGCTATACCGTATCTTCCGAGCGGCTTATGAGAACCG 1531
 Db 1321 CGGTTCGAGCGGCTGCAACCGCTATACCGTATCTTCCGAGCGGCTTATGAGAACCG 1380
 QY 1532 GGAATGATGCGCACCGAGCTCATGACCGTCACTCATGAGATGAACTTAAAGAGAG 1591
 Db 1381 GGAATGATGCGCACCGAGCTCATGACCGTCACTCATGAGATGAACTTAAAGAGAG 1440
 QY 1592 TTAATCGCGGAGATTGGCTAA 1612
 Db 1441 TTAATCGCGGAGATTGGCTAA 1461

RESULT 3 US-09-938-842A-1411

Sequence 1411, Application US/09938842A
 Publication No. US20040009476A9
 GENERAL INFORMATION:
 APPLICANT: Harper, Jeff
 APPLICANT: Kreps, Joel
 APPLICANT: Wang, Xun
 TITLE OF INVENTION: STRESS-REGULATED GENES OF PLANTS, TRANSGENIC PLANTS CONTAINING
 FILE REFERENCE: SAME, AND METHODS OF USE
 CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/938, 842A
 PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/227,866
 PRIOR FILING DATE: 2001-08-24
 PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/264,647
 PRIOR FILING DATE: 2001-01-16
 PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/300,111
 PRIOR FILING DATE: 2001-06-22
 NUMBER OF SEQ ID NOS: 5379
 SEQ ID NO 1411
 LENGTH: 1461
 TYPE: DNA
 ORGANISM: Arabidopsis thaliana
 US-09-938-842A-1411

Query Match 79.5%; Score 1457.8; DB 11; Length 1461;
 Best Local Similarity 99.9%; Pred. No. 0;
 Matches 1459; Conservative 0; Mismatches 2; Indels 0; Gaps 0;
 QY 152 TCTTACCGTTTACCGGCTTTTACCGGCTGGTCTCTCCACCGTGAAGTCTTCCACCGC 211

```

Db      1 TCTTACGTTTACCGGTTTAAAGCGGTTGCTCTCCACCGTGACTGTTCCACCGCG 60
Qy      212 GTGTCCTCCGAGATTCCTCTCTTGAACAACAGCACCGGAACCACTCTTACACCA 271
Db      61 GTGTCCTCCGAGATTCCTCTCTTGAACAACAGCACCGGAACCACTCTTACACCA 120
Qy      272 AAACCCACGAGCAATCTCAAGATGCTGATCTCTCCGATCAAGCCGCTTTTCTCC 331
Db      121 AAACCCACGAGCAATCTCAAGATGCTGATCTCTCCGATCAAGCCGCTTTTCTCC 180
Qy      332 TCTATCCCAACTCTGATCTCTCTCCGTTCAACGCGCTGTTGATGCGCGCGATAG 391
Db      181 TCTATCCCAACTCTGATCTCTCTCCGTTCAACGCGCTGTTGATGCGCGCGATAG 240
Qy      392 CCAATGTCGACCTAGGAGGAGTGGGATGATAGCTCTAACTTATGAGCGCTTGCGTGA 451
Db      241 CCAATGTCGACCTAGGAGGAGTGGGATGATAGCTCTAACTTATGAGCGCTTGCGTGA 300
Qy      452 CGTGGCAATGTTTAAAGGCTTGTGAAAGTACGTTTATGACCAATTTTTCGCGGTGA 511
Db      301 CGTGGCAATGTTTAAAGGCTTGTGAAAGTACGTTTATGACCAATTTTTCGCGGTGA 360
Qy      512 GATGCCGACGAGCGCTGAGCGCGGTGAGAGCGTTATGAGCTACTGCTTTAAAGG 571
Db      361 GATGCCGACGAGCGCTGAGCGCGGTGAGAGCGTTATGAGCTACTGCTTTAAAGG 420
Qy      572 ATGCTTGTCTATGCGCTGACACAGCGCGATGACGCTGATCTTGTGATGATTAACATG 631
Db      421 ATGCTTGTCTATGCGCTGACACAGCGCGATGACGCTGATCTTGTGATGATTAACATG 480
Qy      632 CAATTCATTCGACCAATTTGAAGCTGCCAATCTTTTACCAACATCTCTTACTGATG 691
Db      481 CAATTCATTCGACCAATTTGAAGCTGCCAATCTTTTACCAACATCTCTTACTGATG 540
Qy      692 GTTGGAAGATPACTGCAATTTGTCATTAATGCTTCTGAAAGAGTGAAGCATGCTG 751
Db      541 GTTGGAAGATPACTGCAATTTGTCATTAATGCTTCTGAAAGAGTGAAGCATGCTG 600
Qy      752 CGGTGGGAATACAAAGTCCGAACTTCAAACTCTGATGAGAGCTCAATGCTTCCG 811
Db      601 CGGTGGGAATACAAAGTCCGAACTTCAAACTCTGATGAGAGCTCAATGCTTCCG 660
Qy      812 TTCTCCGATGAGATCTCTCTTACCAACAACCTCAACCGGAGCGTTAAACCGG 871
Db      661 TTCTCCGATGAGATCTCTCTTACCAACAACCTCAACCGGAGCGTTAAACCGG 720
Qy      872 GAAGAAAGGAGCTCGAAGCACTCATGAGAGATTCAGAAATCTGTAGAAATGCGCA 931
Db      721 GAAGAAAGGAGCTCGAAGCACTCATGAGAGATTCAGAAATCTGTAGAAATGCGCA 780
Qy      932 GAGTCCATGATCACTTGTGATGATGCGGAACAACATCTCTCCAAACCGGATGAT 991
Db      781 GAGTCCATGATCACTTGTGATGATGCGGAACAACATCTCTCCAAACCGGATGAT 840
Qy      992 TACATGCTTATTCATCGCGCATCATGTTCAATGCTCAAAAGCCGACCAATCGTTAC 1051
Db      841 TACATGCTTATTCATCGCGCATCATGTTCAATGCTCAAAAGCCGACCAATCGTTAC 900
Qy      1052 AAACGATTCAGCGGATCTTGAAGAGCGCGTGAAGAGATGCTATTGCGATGCAAA 1111
Db      901 AAACGATTCAGCGGATCTTGAAGAGCGCGTGAAGAGATGCTATTGCGATGCAAA 960
Qy      1112 GCTGAGAAAGAAATGTTCTATGAGGAGTCAAGTTGAGAGAGGCTTACATGCTAG 1171
Db      961 GCTGAGAAAGAAATGTTCTATGAGGAGTCAAGTTGAGAGAGGCTTACATGCTAG 1020
Qy      1172 GAAGCTAGCTTGGCGATTCCTTGGGTTGCAAGTGCAGTCCACGACAAATTCAGAT 1231
Db      1021 GAAGCTAGCTTGGCGATTCCTTGGGTTGCAAGTGCAGTCCACGACAAATTCAGAT 1080
Qy      1232 ACTGACTTGTTCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1291

```

```

Db      1081 ACTGACTTGTTCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1140
Qy      1292 GGTTCGGTGTGCTTCGCAACAATTAAGCTGATTCGAGGAGACTTGGCTGAGGAA 1351
Db      1141 GGTTCGGTGTGCTTCGCAACAATTAAGCTGATTCGAGGAGACTTGGCTGAGGAA 1200
Qy      1352 GCGAGTCACTCGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1411
Db      1201 GCGAGTCACTCGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1260
Qy      1412 ATGTCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1471
Db      1261 ATGTCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1320
Qy      1472 CCGTTGACCGCTGCAACCGCTATACCGTATCTTCCGACGCGCTTATGAGAACCG 1531
Db      1321 CCGTTGACCGCTGCAACCGCTATACCGTATCTTCCGACGCGCTTATGAGAACCG 1380
Qy      1532 GGAATGATGCGCACCGAGCTCATGACCGTCACTCATGAGATGAACTTAAAGAGAG 1591
Db      1381 GGAATGATGCGCACCGAGCTCATGACCGTCACTCATGAGATGAACTTAAAGAGAG 1440
Qy      1592 TTAATCGCGGATTCGTTA 1612
Db      1441 TTAATCGCGGATTCGTTA 1461

```

RESULT 4 US-09-770-445-11

```

/ Sequence 11, Application US/09770445
/ Patent No. US20020023281A1
/ GENERAL INFORMATION:
/ APPLICANT: Goriach, Jern
/ APPLICANT: An, Yong-Qiang
/ APPLICANT: Hamilton, Carol M.
/ APPLICANT: Price, Jennifer L.
/ APPLICANT: Ralnes, Tracy M.
/ APPLICANT: Yu, Yang
/ APPLICANT: Rameaka, Joshua G.
/ APPLICANT: Page, Amy
/ APPLICANT: Mathew, Abraham V.
/ APPLICANT: Ledford, Brooke L.
/ APPLICANT: Woessner, Jeffrey P.
/ APPLICANT: Haas, William David
/ APPLICANT: Garcia, Carlos A.
/ APPLICANT: Krickel, Maja
/ APPLICANT: Slader, Ted
/ APPLICANT: Davis, Keith R.
/ APPLICANT: Allen, Keith
/ APPLICANT: Hoffman, Neil
/ APPLICANT: Hurban, Patrick
/ TITLE OF INVENTION: Expressed Sequences of Arabidopsis
/ FILE REFERENCE: 2023US (PARA-012PRV)
/ CURRENT FILING DATE: 2001-01-26
/ PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/178,472
/ PRIOR FILING DATE: 2000-01-27
/ NUMBER OF SEQ ID NOS: 999
/ SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
/ SEQ ID NO 11
/ LENGTH: 1339
/ TYPE: DNA
/ ORGANISM: Arabidopsis thaliana
/ FEATURE:
/ NAME/KEY: misc_feature
/ LOCATION: (1)...(1339)
/ OTHER INFORMATION: n = A,T,C or G
/ US-09-770-445-11

```

Query Match 69.9%; Score 1280.6; DB 9; Length 1339;
Best Local Similarity 96.7%; Pred. No. 0;
Matches 1295; Conservative 0; Mismatches 44; Indels 0; Gaps 0;

```
QY 351 TCTCCGTCACCGCCGCTGCTGATGCGCGCGGATGCTCTATGATGCACTTAAGGA 410
Db 1 TCAGAGGCGCGCCGCGGAGTGCGCGCGCGGATGCTCTATGCTGCGACTTAAGGA 60
QY 411 CGAGGCTGATGAGCTGTAATCTTAAGAGCTTCGCTGAGCGGTGAGCTTAAGGAG 470
Db 61 CGAGGCTGATGAGCTGTAATCTTAAGAGCTTCGCTGAGCGGTGAGCTTAAGGAG 120
QY 471 TTGTGAAAAGTACGTTTATGACCAATTTTTCGCGCGGTGAGAGATGCGAGCGCTG 530
Db 121 TTGTGAAAAGTACGTTTATGACCAATTTTTCGCGCGGTGAGAGATGCGAGCGCTG 180
QY 531 AGGCGGTGAGAGCGCTTATGAGCTATGCTGTTTAAAGGATGCTGCTATGAGCGT 590
Db 181 AGGCGGTGAGAGCGCTTATGAGCTATGCTGTTTAAAGGATGCTGCTATGAGCGT 240
QY 591 AACAGCGCGATGAGCGCTGATCTTGATGATGATMACTGACACAACTTCAATCGAACAT 650
Db 241 AACAGCGCGATGAGCGCTGATCTTGATGATGATMACTGACACAACTTCAATCGAACAT 300
QY 651 AACGTCGCAATCTTTACCAACATCTCACTTTAGCTGAGTGTGTAAGATTAATGCGCA 710
Db 301 AACGTCGCAATCTTTACCAACATCTCACTTTAGCTGAGTGTGTAAGATTAATGCGCA 360
QY 711 TTGTGCAATTAAGCTTCTGAAAAGAGTGAAGATGCTGCGGTGAGAAATCAAAAGTC 770
Db 361 TTGTGCAATTAAGCTTCTGAAAAGAGTGAAGATGCTGCGGTGAGAAATCAAAAGTC 420
QY 771 CGAATCTCAATCTCTCATGAGAGCTCAATCGTTTCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 830
Db 421 CGAATCTCAATCTCTCATGAGAGCTCAATCGTTTCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 480
QY 831 TCTACACACAACTGAGAACCGGAAACGCTTACCGCGGAGAGAAAGAGAGAGCTGAGAG 890
Db 481 TCTACACACAACTGAGAACCGGAAACGCTTACCGCGGAGAGAGAGAGAGAGAGCTGAGAG 540
QY 891 CAGCTCATGAGAGATTCAGAAATCTGTAGAAATGCGCAAGTCCAAATGATACATTTGT 950
Db 541 CAGCTCATGAGAGATTCAGAAATCTGTAGAAATGCGCAAGTCCAAATGATACATTTGT 600
QY 951 TGAATGATGCGGAGAGACCAATCTCTCAACCGCGCATCAATTAATGAGTCTTATCATG 1010
Db 601 TGAATGATGCGGAGAGACCAATCTCTCAACCGCGCATCAATTAATGAGTCTTATCATG 660
QY 1011 CGATCATGTTCAATGCTGACCAAGACCGACCAATCTTACCAAGATTCAGAGCTACT 1070
Db 661 CGATCATGTTCAATGCTGACCAAGACCGACCAATCTTACCAAGATTCAGAGCTACT 720
QY 1071 TGAAGAGCGCGGTGAGAGCTGCAATTTGCGAGTACAAATGCTGAGAAAGAGATTTTC 1130
Db 721 TGAAGAGCGCGGTGAGAGCTGCAATTTGCGAGTACAAATGCTGAGAAAGAGATTTTC 780
QY 1131 CTATGAGGTTCAAGTTGTTGAGAGGCGCTTACATGCTAGCGAAAGTACTGCGGAGAT 1190
Db 781 CTATGAGGTTCAAGTTGTTGAGAGGCGCTTACATGCTAGCGAAAGTACTGCGGAGAT 840
QY 1191 CCTGAGGTTCAAGTGTGCGAGTCCAGACCAATTCAGAGTACTCACTCTTTTACAAATG 1250
Db 841 CCTGAGGTTCAAGTGTGCGAGTCCAGACCAATTCAGAGTACTCACTCTTTTACAAATG 900
QY 1251 ATTGTATGACATTCCTGATGAGAGAAAGCATCAAGCTTCTGTTTCGCTGCTGCTGCTG 1310
Db 901 ATTGTATGACATTCCTGATGAGAGAAAGCATCAAGCTTCTGTTTCGCTGCTGCTGCTG 960
QY 1311 CAACACATTAAGCTGATTCGCGGAGACTTGTGCGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1370
Db 961 CAACACATTAAGCTGATTCGCGGAGACTTGTGCGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1020
QY 1371 ATTAACGAAAGCGGAGAGATGAGTTTGCACAGCTATATGATGATGAGATGATGATGAT 1430
Db 1021 ATTAACGAAAGCGGAGAGATGAGTTTGCACAGCTATATGATGATGATGATGATGATGAT 1080
```

```
QY 1431 TCGGTTTAAAGAGAGAGAGGCTTCAATGTTAGCAAGTACATGCGGTTTGAACCGTGCA 1490
Db 1081 NCGNNNTNNNAGAGAGCANNNNNNAATGTNAGCAAGTACATGNNGTGAGACCGTGCA 1140
QY 1491 CCGCTATACGCTATCTTCTCCAGCGCGCTTATGAGAACCGGAGAGATGAGAGAGAGAG 1550
Db 1141 CCGCTATACGCTATCTTCTCCAGCGCGCTTATGAGAACCGGAGAGATGAGAGAGAGAG 1200
QY 1551 CTCATGACCGTCAACCTCATGAGATGAGAGAGTAAAGAGAGATTAATGCGGAGATGCGT 1610
Db 1201 CTCATGACCGTCAACCTCATGAGATGAGAGAGTAAAGAGAGATTAATGCGGAGATGCGT 1260
QY 1611 AAAGAGAGATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1670
Db 1261 AAAGAGAGATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1320
QY 1671 ATGTAGTTTAAAGAAATGGA 1689
Db 1321 ATGTAGTTTAAAGAAATGGA 1339
```

RESULT 5

US-09-770-444-56/c

Sequence 56, Application US/09770444

Patent No. US2002023280A1

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: Gorlach, Jörn

APPLICANT: An, Yong-Oiang

APPLICANT: Hamilton, Carol M.

APPLICANT: Price, Jennifer L.

APPLICANT: Raines, Tracy M.

APPLICANT: Yu, Yang

APPLICANT: Rameaka, Joshua G.

APPLICANT: Page, Amy

APPLICANT: Mathew, Abraham V.

APPLICANT: Ledford, Brooke L.

APPLICANT: Woessner, Jeffrey P.

APPLICANT: Haas, William David

APPLICANT: Garcia, Carlos A.

APPLICANT: Kriker, Maja

APPLICANT: Slader, Ted

APPLICANT: Davis, Keith R.

APPLICANT: Allen, Keith

APPLICANT: Hoffman, Neil

APPLICANT: Hurban, Patrick

TITLE OF INVENTION: Expressed Sequences of Arabidopsis

FILE REFERENCE: 2027 (PARA-016PRV)

CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/770,444

CURRENT FILING DATE: 2001-01-26

PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/178,502

PRIOR FILING DATE: 2000-01-27

NUMBER OF SEQ ID NOS: 999

SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0

SEQ ID NO 56

LENGTH: 475

TYPE: DNA

ORGANISM: Arabidopsis thaliana

US-09-770-444-56

Query Match 23.9%; Score 438.4; DB 9; Length 475;

Best Local Similarity 96.6%; Pred. No. 1.8e-103;

Matches 460; Conservative 0; Mismatches 11; Indels 5; Gaps 1;

```
QY 10 AAAAAAAGAGAGATTAACCGAAACATCAAGCAACAAACAAAAAAGAGAGAAATTA 69
Db 473 AAAAAAAGAGAGATTAACCGAAACATCAAGCAACAAACAAAAAAGAGAGAGAGAGAGAG 419
QY 70 TTTTCTTTGTTTCTGTTTCAAAATCTTGAATTTTATGAGCAACCGGCTCTCT 129
Db 418 TTTTCTTTGTTTCTGTTTCAAAATCTTGAATTTTATGAGCAACCGGCTCTCTCT 359
QY 130 CCGAACAACCTTTATCCGCGAGATCTTACCGTTTACCGCGGCTGAGCTCTCC 189
```


Db 358 CGAAGCAACCTTTATCCGCGCATCTACCGCTTTTACCGCGCTTTAGCGCGCTCTCC 299
 Qy 190 CACCGTGAATGCTTCCACCGCGCTGTCGCGAAGATCTCTCTTTGACAACAAGACCC 249
 Db 298 CACCGTGAATGCTTCCACCGCGCTGTCGCGAAGATCTCTCTTTGACAACAAGACCC 239
 Qy 250 GGAACCACTCTTCCACCGCGCTGTCGCGAAGATCTCTCTTTGACAACAAGACCC 309
 Db 238 GGAACCACTCTTCCACCGCGCTGTCGCGAAGATCTCTCTTTGACAACAAGACCC 179
 Qy 310 CGATCAAGCGCTCTTCT 369
 Db 178 CGATCAAGCGCTCTTCT 119
 Qy 370 GTTGCATGCGCGCGCGATGATGCTTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT 429
 Db 118 GTTGCATGCGCGCGCGATGATGCTTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT 59
 Qy 430 ACTTATGACGCTTCT 485
 Db 58 ACTTATGACGCTTCT 3

RESULT 6

US-10-424-599-116395
 ; Sequence 116395, Application US/10424599
 ; Publication No. US20040031072A1
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: La Rosa Thomas J
 ; APPLICANT: Kovalic David K
 ; APPLICANT: Zhou Yihua
 ; APPLICANT: Cao Yongwei
 ; TITLE OF INVENTION: Soy Nucleic Acid Molecules and Other Molecules Associated With
 ; FILE REFERENCE: 38-21(53223)B
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/424,599
 ; CURRENT FILING DATE: 2003-04-28
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 285684
 ; SEQ ID NO 116395
 ; LENGTH: 1001
 ; TYPE: DNA
 ; ORGANISM: Glycine max
 ; FEATURE:
 ; OTHER INFORMATION: Clone ID: PAT_MRT3847_76115C.1
 US-10-424-599-116395

Query Match

Best Local Similarity 62.6%; Pred. No. 3,1e-71;
 Matches 526; Conservative 0; Mismatches 308; Indels 6; Gaps 2;

Qy 762 ACAAAAGTCGAACCTTCAACTCTCATGAGAGCTCAAAATCGTTCCGGTTTCTCCGAT 821
 Db 2 ACAAGACCTTGTTCAGTTGATGATGAGACAGATGCTTCCCATATCTCCGAT 61
 Qy 822 CGAGTCCTCTTACCAACAACAACCTGTAACCGCGAAGCGGAAAGAGG 881
 Db 62 CAAGCCCTTGTACCAACAACAACCGGAGCTCTTACCCCAAGAGAGAGAG 121
 Qy 882 AGCTCAAGACGCTCATGAGAGATTCAGAAATCTGTAGAAATGCCAAGATCCATG 941
 Db 122 ACTTCAACTTGCATCCAGAGATTCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 181
 Qy 942 TACATTTGTGATGATGAGAGACACATCTCTCAACCGCGGATGATGATGATGATGAT 1001
 Db 182 TTTCTTTGTGATGATGAGAGACACATCTCTCAACCGGATGATGATGATGATGATGAT 241
 Qy 1002 ATTCATGCGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1061
 Db 242 ACTCCCTGCAATCTTGACAA---CAAGGTGACAAACCCCAATGATGATGATGATGATGAT 298
 Qy 1062 AGCGGATCTTGAGAGAGCGCGGTGAGAGCTGATTTGGCAATCAAAATGTGAGAG 1121

Db 299 AGACTACTCAAGAGATGCAAGAGAGACTCTGCTGGCTGACAGAGCTGACAGACA 358
 Qy 1122 AGAATGTTCTTATGGGCTTCAAGTTGTCAGAGGGCTTACATGCTTACCAAGCTACT 1181
 Db 359 TGGGAATCCCAATGGGCTTCAAGTTGTCAGAGGGCTTACATGCTTACCAAGCTACT 418
 Qy 1182 TGGGCAATCCCTGGGCTTCAAGTTGTCAGAGGGCTTACATGCTTACCAAGCTACT 1241
 Db 419 TGGGCAATCCCTGGGCTTCAAGTTGTCAGAGGGCTTACATGCTTACCAAGCTACT 478
 Qy 1242 GTTACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1301
 Db 479 GTTACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 535
 Qy 1302 TGGTTCGCAACACATTAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1361
 Db 536 TGGTTCGCAACACATTAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 595
 Qy 1362 TCGGATGATTAACAGAGCGGAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1421
 Db 596 TCGGATGATTAACAGAGCGGAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 655
 Qy 1422 CATTCCTTCCGCTTAAAGAGAGAGGCTTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1481
 Db 656 CATTCCTTCCGCTTAAAGAGAGAGGCTTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 715
 Qy 1482 CCGTCCCAACCGCTATACCGTATCTTCTCGACGCGCTTATGAGAACCGGAGATGATG 1541
 Db 716 CAGTGAAGCTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 775
 Qy 1542 CCACCGAGCTATGACCGCTCACTCAATGAGATGAGAACTTAAGAGAGATTAATCGCG 1601
 Db 776 CTGCTTCCGCTTGTGACAGGCACTGATGAGAGAGATGAGAGAGATTAAGAGAGCTG 835

RESULT 7

US-10-424-599-91151
 ; Sequence 91151, Application US/10424599
 ; Publication No. US20040031072A1
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: La Rosa Thomas J
 ; APPLICANT: Kovalic David K
 ; APPLICANT: Zhou Yihua
 ; APPLICANT: Cao Yongwei
 ; TITLE OF INVENTION: Soy Nucleic Acid Molecules and Other Molecules Associated With
 ; FILE REFERENCE: 38-21(53223)B
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/424,599
 ; CURRENT FILING DATE: 2003-04-28
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 285684
 ; SEQ ID NO 91151
 ; LENGTH: 2000
 ; TYPE: DNA
 ; ORGANISM: Glycine max
 ; FEATURE:
 ; OTHER INFORMATION: Clone ID: PAT_MRT3847_5331C.1
 US-10-424-599-91151

Query Match

Best Local Similarity 50.8%; Pred. No. 9.4e-66;
 Matches 834; Conservative 0; Mismatches 797; Indels 11; Gaps 5;

Qy 92 AAAACAATCTTGAATTTATGCAACCGCTTCTCCGAACAACCTTATCCGCGA 151
 Db 150 AAAACAATCTTGAATTTATGCAACCGCTTCTCCGAACAACCTTATCCGCGA 209
 Qy 152 TCTTACCGTTACCGCTTCTTACCGCTTCTTACCGCTTCTTACCGCTTCTTACCGCTT 211
 Db 210 CTCGTTTACAACAACAACAACCGCTTCAACCGCTTCAACCGCTTCAACCGCTTCAAC 269
 Qy 212 GTCGTCGCGAGATGCTCTCTTTGAGAAACAAGAGACCGGAAACACCTTTCACCAACA 271
 Db 270 ATGCCCCACCGTCACTCTTTCAGAGGTGCGCTCCCTGTGCGGAGATGCTTTCACACA 329

QY 272 AAACCCACGAGCAATCTACAGATGCTCTGATCTCTCCGATCAAGCCGCTTTTCTCC 331
 DB 330 AACTTCACGACTATGAGAGACGCGCAATCTCACTTCAGACGCGGAGCGCTTTTCCG 389
 QY 332 TCTATCCCAACCTCTGATCTCTCCGTTCCACCGCGGTGTGATGCGGCGGATAGT 391
 DB 390 TCAGATGAGCGAAAGAGCTCTCCGCGCTCTCCGCTTTTGCATGCGACGCGGTGGG 449
 QY 392 CCTATGTCGACTAGGAGCGTGGTCAATGACTCTTAACCTTAATGACGCTTGATACG 451
 DB 450 CCAATGAGACCTGGAGATGTGTGATGAAATCTCCGCTTCCAGACCGCGCTCCG 509
 QY 452 CGTGGACGTGTTTAAAGGCTTGTGAAAGTACGTTTATGACATTTTGGCGGTGAA 511
 DB 510 AAGGATCTCATATGCGCGCACAGAGAGAGAGTCTTCTGCGACTTCTGCGCGGAG 559
 QY 512 GATGCGACGACCGCGCTGAGCGGTGAGAAAGCTTTATGAGCTACTGTTTAAAGG 571
 DB 570 GACGCGCGCGCGCGAGAGATCAAGCGCTCAAGAGG--CCGCTTACGTGGC 626
 QY 572 ATGCTGTCTATGCGGTGAAACGCGGATGAGCGCTGATCTGTGATGATACATGCA 631
 DB 627 ATGCTGTCTATGCGGTGAAACGCGGATGAGCGCTGATCTGTGATGATACATGCA 666
 QY 632 CAATTCATTCGACCATTTGAGCTGCAATCTTACCAATCTCACTTAACTGCTAGT 691
 DB 687 TGCTTCATGCACTGTT-TAGAAAGATGATGACCTTCTTAATGATGCAACAAAAGA 745
 QY 692 GTTGTGAAGATACCTGCTATTTCTCAATTAATGTTCTTGAAGAGAGAGAGTCTG 751
 DB 746 CCTTCATCTGTTTGTCTATGAAAGCAAGTCTTCCATTAATTTGCTAGTCTAGT 805
 QY 752 CGGTGGATATCAAAAGTCCGAACTCTCAATCTCATGAGCTCAATGCTTCCGCTT 811
 DB 806 CTTTGTATCCACACAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGTTC 855
 QY 812 TTTCCGATGAGTCTCTTCTTACCACTCAAACTCAAGACCGGAAAGCTTTAACCGGAA 871
 DB 866 AACTGCGCAACAGAGCTCTTGAATTTGCGCAAAATGTGAGAGAGCAATATGCTT 925
 QY 872 GAAGAAAGGAGCTCGAAGAGCTCATGAGAGATTC-AGAATATCTGTAGAAATGCCA 930
 DB 926 TGTGTGATGATGATACACACAGCGGTAAACCGCTTATGATTTACTTCACTTCCA 965
 QY 931 AGAGTCAATGATCAATGTTGATGATGAGAGAGACCAATCTCCAAACCGCGATCGA 990
 DB 986 CGTACCCCAAGCGCTCTGGGGGGTATGAGAGACACACAGTTCACCGCTATCGA 1045
 QY 991 TTACATGCTTATTCATCGGAGATCATGATCTTCAATGCTGACAAAGACCGACATCTT 1050
 DB 1046 TTACTTCACATCTCTTCTTCAATGAGCAACATTAAGATGACAAAC--CCCATGTGTT 1102
 QY 1051 CAACACGATTCAGGCTGATGAGAGAGCGCGGTGAGAGAGCTGATTTGGCAGTACAAA 1110
 DB 1103 TGAACACATTCAGCTTATTTGAAGATGCCAAGAGAGAGTGTGTCTCAACAAAGG 1162
 QY 1111 TGTGAGAGAGAGATGCTCTATGAGGCTTCAAGTGTGAGAGGCGCTTACATGCTAG 1170
 DB 1163 AGCGAGAGAGAGATGAGATGCTTATGAGGCTTCAATGTTAGAGTCCCTACATGCTCAG 1222
 QY 1171 CGAAGTATGCTGCGGATTCCTGAGGTGAGAGTGCAGTCCAGACAGACATTTAGGA 1230
 DB 1223 AGAAGATTAATGCTGATGATGATTTGGTATGATCCCAATTCATACATTCATTAAGA 1282
 QY 1231 TACTCACTCTTTGATCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1290
 DB 1283 AAGCAGCAATTTCTTCAATGCTGCTCATATTTCTTCTGAGAGAGTGTCTAATGATC 1342
 QY 1291 TGTGTT---TGGGTGCTGCTGAGACATTAACCGCTTTCGGGGAGATTTGGCGTGA 1347
 DB 1343 CGGTTCATTTCAATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1402

QY 1348 GAAAGCGAGTGACTCGGGATGATTAACAGAACGGAAGATGAGTTTGCACACTATA 1407
 DB 1403 ABAAGCATATGATTTGGGGTTTGAAGAGTAAACACAGCTAGATTTGCACACTATA 1462
 QY 1408 TGTATGTCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1467
 DB 1463 TGTATGTCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1522
 QY 1468 CATGCGCTTTGAGACCGCTGACACCGCTTATACCTTCTTCCGACGCGCTTATGAGA 1527
 DB 1523 TATGCTATTTGGCGGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1582
 QY 1528 CCGGGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1587
 DB 1583 TAGAGGCTTTTGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1642
 QY 1588 GAGATTTATCGCGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1647
 DB 1643 AAGATTTAAAGCTGCAATGTTCTTAATTTGTCAGAAATCAGGATTCATGACTTTTGTGA 1702
 QY 1648 ATGTAGATGATTAATTTCTTATGATGATTTAAGAAATGAAACAAATTAATA 1707
 DB 1703 CAATTTAGAGATTTTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1762
 QY 1708 TAAGAAATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1729
 DB 1763 TGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1784

RESULT 8
 US-10-424-599-30413
 ; Sequence 30413, Application US/10424599
 ; Publication No. US20040031072A1
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Kowalec David J
 ; APPLICANT: Zhou Yihua
 ; APPLICANT: Cao Yongwei
 ; TITLE OF INVENTION: Soy Nucleic Acid Molecules and Other Molecules Associated With
 ; FILE OF INVENTION: Plants and Uses Thereof for Plant Improvement
 ; FILE REFERENCE: 38-21(53223) B
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/424,599
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 285684
 ; SEQ ID NO 30413
 ; LENGTH: 806
 ; TYPE: DNA
 ; ORGANISM: Glycine max
 ; FEATURE:
 ; OTHER INFORMATION: Clone ID: PAT_MRT3847_127465C.1
 US-10-424-599-30413

Query Match 8.7%; Score 158.6; DB 12; Length 806;
 Best Local Similarity 57.1%; Pred. No. 1.4e-30;
 Matches 309; Conservative 0; Mismatches 229; Indels 3; Gaps 1;

QY 239 CAACAGCAACGGAACCACTTTCACCAACCAAAACCAACCGAGATTCAGATGAT 298
 DB 261 CTACTGTCTGCGCTGCGCTGCGCTGCGCTGCGCTGCGCTGCGCTGCGCTGCGCTGCG 320
 QY 269 CTGATCTCTCGATCAAGCCGCTTTTCTCTCTATCCCAACCTGATCTCTCGCT 358
 DB 321 CTGATCTCTCGATCAAGCCGCTTTTCTCTCTATCCCAACCTGATCTCTCGCT 380
 QY 359 TCACCGCGGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 418
 DB 381 TCTCTCGCGGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 440
 QY 419 ATGAGCTTAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 478
 DB 441 TTGCAATTAATTCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 500
 QY 479 AGTACGTTTATGACATTTTTCGCGCGGTGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 538

```

RESULT 9
US-09-938-842A-4104
: Sequence 4104, Application US/09938842A
: Patent No. US20020160378A1
: GENERAL INFORMATION:
: APPLICANT: Harper, Jeff
: APPLICANT: Kreps, Joel
: APPLICANT: Wang, Xun
: APPLICANT: Zhu, Tong
: TITLE OF INVENTION: STRESS-REGULATED GENES OF PLANTS, TRANSGENIC PLANTS CONTAINING
: TITLE OF INVENTION: SAME, AND METHODS OF USE
: FILE REFERENCE: SCRIPT300-3
: CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/938, 842A
: CURRENT FILING DATE: 2001-08-24
: PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/227,866
: PRIOR FILING DATE: 2000-08-24
: PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/264,647
: PRIOR FILING DATE: 2001-01-16
: PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/300,111
: PRIOR FILING DATE: 2001-06-22
: NUMBER OF SEQ ID NOS: 5379
: SEQ ID NO 4104
: LENGTH: 2000
: TYPE: DNA
: ORGANISM: Arabidopsis thaliana
US-09-938-842A-4104

```

RESULT 10
US-09-938-842A-4104
; Sequence 4104, Application US/09938842P
; Publication No. US20040009476A9
; GENERAL INFORMATION:

Query Match	8.2%;	Score 151;	DB 11;	Length 2000;
Best Local Similarity	100.0%;	Pred. No. 2,4e-28;		
Matches 151;	Conservative 0;	Mismatches 0;	Indels 0;	Gaps 0;

Qy	1	AGCGTTTGAAGAAAAACAGCGATTAACCCGAAACATCAAGCAACAAACAAAAAAGAGAA	60
Db	1850	AGCGTTTGAAGAAAAACAGCGATTAACCCGAAACATCAAGCAACAAACAAAAAAGAGAA	1909
Qy	61	GAGAAATTAATTTTTTTTGTGTTTGTGTTTCAAAAACAAATCTTGAATTTATAGGCAAC	120
Db	1910	GAGAAATTAATTTTTTTTGTGTTTGTGTTTCAAAAACAAATCTTGAATTTATAGGCAAC	1969
Qy	121	CCGACTTCGCGAACAACCTTATCCGAGCGA	151
Db	1970	CCGACTTCGCGAACAACCTTATCCGAGCGA	2000

	Query Match	Score	DB	Length
	Best Local Similarity	54.5%	Pred. No. 4.1e-22	
	Matches	275	Conservative	0
			Mismatches	227
			Indels	3
			Gaps	1
QY	1112	GCATGAAAGAGAAATGTTCTCTATATGGGTTCAAGTGTGTGAGAGGGCTTACATGTCTACG	1171	
Db	604	GCAAAAATAATGGGAGGCTCTTAAGGGGTTCAAAATGGTTAGAGGGGCCCCCATGGCCCCA	545	
QY	1172	GAAAGTNGCTTGGCGGATTCCTTGGGTTGCAAGTGGCGAGTCCACGACACAAATTCAGAT	1231	
Db	544	AAGAGTAAATTTGGGTGAGTCACTTGGGTATGCAATCCCAATTGGCAACCCCATTCAGAA	485	

QY 1232 ACTCACTCTGTATACATGATGTATGACATCTCTGATGAGAAAGATCAACGCTTCT 1291
 Db 484 AACCCCATTTGCTCAAGGGGGGGGCTCATTCTTTTTCAGAAAAGATGAAAAAGAACCC 425
 QY 1292 GGT---TCGGTGTCTTCTCGCAACATACCGTGTATTCGGGAGACTTGGCTGAGG 1348
 Db 424 GGTTCATTTTCATGTTTGTCTTCCCTCCCAATATGTTTCAGGGGAAATGGGCTTCAAC 365
 QY 1349 AAGCGAGTACCTCGGAGATCATTAACGAACGGAAGATGAGTTTCCACAGCATAT 1408
 Db 364 AAGCCATTTAATTTGGGGGTTGAAAGGCTACACCCCAAGTTAAATTCGCCCTGTAT 305
 QY 1409 GGTATGTCAGATCATTTCTTTCGGTTTAAAGAGACAGGTTTCAATGTTAGCAATAC 1468
 Db 304 GGAAGCAACAGGCGCTTCTTCTTGGTTTGAACATTCAGGGTTTCTAGTTGAGAAATAT 245
 QY 1469 ATCCCGTTTGGACCCGCTCGAACCCGCTATACCGTATCTCTCGACGCGCTTATGAGAAC 1528
 Db 244 ATTCCTTGGCCCGGAAATAGGGGTAGCCCTTCCCTTCAGAGGGGGGAAAAAAA 185
 QY 1529 CGGGAATGATGCGCAACCGAGCTCATGACCGTCACTCATGAGATGAGATTAAGAGG 1588
 Db 184 AAGGGCTTTTGGTTGGCTGACGTTTATAGGCAATTTTGAAGAAAGATTTGGAGACA 125
 QY 1589 AGATTATGCGCGGATTCGTAA 1613
 Db 124 AATTAATAAACTGCAATGTTTAA 100

RESULT 12
 US-10-119-635-3
 ; Sequence 3, Application US/10119635
 ; Publication No. US20020193581A1
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Karayiorou, Maria
 ; APPLICANT: Gogos, Joseph A
 ; TITLE OF INVENTION: METHODS OF DETERMINING A SUSCEPTIBILITY TO OR PRESENCE
 ; TITLE OF INVENTION: OF SCHIZOPHRENIA, OR A DISEASE OR DISORDER RELATED
 ; FILE REFERENCE: 600-1-223 CIP
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/119,635
 ; PRIOR FILING DATE: 2002-04-10
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: EARLIER APPLICATION NUMBER: 09/277,262
 ; PRIOR FILING DATE: EARLIER FILING DATE: 1999-03-26
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 9
 ; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
 ; SEQ ID NO 3
 ; LENGTH: 1494
 ; TYPE: DNA
 ; ORGANISM: Mus musculus
 ; US-10-119-635-3

Query Match 6.7%; Score 123.6; DB 13; Length 1494;
 Best Local Similarity 48.7%; Pred. No. 2.7e-21;
 Matches 367; Conservative 1; Mismatches 380; Indels 6; Gaps 1;

QY 851 CCGGAACCGTTAACCGCGGAAGAAAGAGAGCTCGAAGCCTCATGAAAGATTCAA 910
 Db 724 CTGTACAGGTTCCTAGAGAGAAAGAGAGAGATGAAAGATCTGAGAGATGAT 783
 QY 911 GAAATCTGAGAAATGCAAGATGTCATGATACATTTGATTTGATGCGGAAGACA 970
 Db 784 GATCTGCGCAAGAAAGAAAGAGAGAGATGTCGCTGATATGATGCTGAGAGAGC 843
 QY 971 ATCTTCGAACCGCGATGATTAATGCTTATTCATGCGCATCATGTTCAATGCTGAC 1030
 Db 844 TACTTCGAACCGCGATGATGATGCTTATTCATGCGCATCATGTTCAATGCTGAT 903
 QY 1031 AAGAGCGCAAGATGTTTACAAACGATTCAGGGGTACTGAGAGAGCGCGGTGAGAGA 1090
 Db 904 AAG-----CCGTTATCTTCGAACATTCAGGTGCTACCTCAAGAGATGCTTATGACAT 957

QY 1091 CTGATTTGGCAGTACAAAATGCTGAGAAAGAGATGTTTCTATGAGGGTTCAATGCTG 1150
 Db 958 GTGACCTTGGATATGAACTGCTGCTGCGGTAGGGCTGTGTTCCGGGGCCAGCTGTA 1017
 QY 1151 AAGAGGCTTACATGCTTACGAAAGATGCTTGGCGGATTCCTGAGTTGCAATGCGCA 1210
 Db 1018 CGTGTGATATCATGCGCCAAAGAGCGTGTGAGGGCAGAGATCGGTTATGAAAGACCC 1077
 QY 1211 GTCCAGCAACAATTCAGAGATCTCACTTCTGTTTCAATGATTTATGACATTTCTATG 1270
 Db 1078 ATCAACCTTATATGAAAGCCCAATGCTATGACCAAGTGCCTTAATGATGTTCTG 1137
 QY 1271 GAGAAGCATCAACCGTTCTGTTTGGTGTCTTCTGCAACAATTAACGCTGATTCG 1330
 Db 1138 GAGAGGTGAAAGCAGACAGCCAGAGCAAGATGATGTTGCTTCCCAACAGAGAACCC 1197
 QY 1331 GCGAGACTTGGCTGAGAGAAAGAGTGAAGCTTGGGATGATTAACAAACGAGAGATA 1390
 Db 1198 GTGCACTTCACTTGTGAGAGATGAGAGATAGGCTTGCATCTGCTGATGTCAGGTG 1257
 QY 1391 GAGTTTGACAGCTATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1450
 Db 1258 TGCTTGGACAGCTGCTGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1317
 QY 1451 TTCAATGTTAGCAAGTACATGCGCTTGAACCGCTGCAACCGCTATACCGTATCTTCTC 1510
 Db 1318 TTCTCTGTATCAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1277
 QY 1511 CGAGCGCTTATGAGAACCGGGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1570
 Db 1378 CGCGTCCCTGAGAAACAGACATCATATGAGGGTGTCTGAGAGAGAGAGAGCTGTCTA 1437
 QY 1571 AGATGGAACCTTAAGAGAGATTAATGCGCGGGA 1604
 Db 1438 TGGAGAGAGCTCCGCAAGCGGCTGCGCACTGCGCA 1471

RESULT 13
 US-10-119-635-7
 ; Sequence 7, Application US/10119635
 ; Publication No. US20020193581A1
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Karayiorou, Maria
 ; APPLICANT: Gogos, Joseph A
 ; TITLE OF INVENTION: METHODS OF DETERMINING A SUSCEPTIBILITY TO OR PRESENCE
 ; TITLE OF INVENTION: OF SCHIZOPHRENIA, OR A DISEASE OR DISORDER RELATED
 ; FILE REFERENCE: 600-1-223 CIP
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/119,635
 ; PRIOR FILING DATE: 2002-04-10
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: EARLIER APPLICATION NUMBER: 09/277,262
 ; PRIOR FILING DATE: EARLIER FILING DATE: 1999-03-26
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 9
 ; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
 ; SEQ ID NO 7
 ; LENGTH: 2240
 ; TYPE: DNA
 ; ORGANISM: Mus musculus
 ; US-10-119-635-7

Query Match 6.7%; Score 123.6; DB 13; Length 2240;
 Best Local Similarity 48.7%; Pred. No. 3.4e-21;
 Matches 367; Conservative 1; Mismatches 380; Indels 6; Gaps 1;

QY 851 CCGGAACCGTTAACCGCGGAAGAAAGAGAGCTCGAAGCCTCATGAAAGATTCAA 910
 Db 1020 CTGTACAGGTTCCTAGAGAGAAAGAGAGAGATGAAAGATGCTGAGAGATGAT 1079
 QY 911 GAAATCTGAGAAATGCAAGATGTCATGATACATTTGATTTGATGCGGAAGACA 970
 Db 1080 GATCTGCGCAAGAAAGAAAGAGAGAGATGTCGCTGATATGATGCTGAGAGAGC 1139
 QY 971 ATCTTCGAACCGCGATGATTAATGCTTATTCATGCGCATCATGTTCAATGCTGAC 1030

```

Db      1140 TACTTCAACACGACATGAGCCGCTGACCTGAGATGACGCGAGTTCAATGTGAT 1159
QY      1031 AAGAGCCGACCAATGCTTTACACGATTCAGGCGTATCTGAGAGACGCGGTGAGAGA 1090
Db      1200 AAG-----CCGTTATCTTCAACACATTCAGTGTCTTCCACAGAGATGCTTATGACAAAT 1253
QY      1091 CTGCAATTTGGCAGTACAAATAGTCTGAGAAAGAAATGTTCTGATGAGGTTCAAGTGGTG 1150
Db      1254 GTGACCTTGATGATGAACTGCTGCGGTGAGGCTGTGTTCGCGGAGCAACCTGTGTA 1313
QY      1151 AAGAGGCTTACATGCTTACGACGATGCTTGGCGAATTCCTGGGTTGCAAGTCGCA 1210
Db      1314 CCGTGTGATGATGAGCCCAAGAGGCTGTGAGGCGACAGATGCGTTATGAAAGACCC 1373
QY      1211 GTTCAACACAAATTCAGGATCTGACCTGTTTACATGATGATGATGATGATGATGATG 1270
Db      1374 ATCAACCTTACATGAAAGCCACCAATGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1433
QY      1271 GAGAAAGCATCAACGCTTCTGCTTCTGCTGCTTCTGCAACACATTAACGCTGATTCG 1330
Db      1434 GAGAGCTGTAACACAGACCAAGGCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1493
QY      1331 GGAAGACTTGGCTCAGAGAAAGCGATGCTCGGATTCGATTAACAGAAAGGGAAGATA 1390
Db      1494 GTGACCTTCACTGTGTGAGAGATGAGAGATGAGGCTGATGATGATGATGATGATGATG 1553
QY      1391 GAGTTGCAACAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1450
Db      1554 TGCTTCGAGACGCTCTGAGGATGTGTGACCAATACACTTCCACATGAGGCAAGGCAAGG 1613
QY      1451 TTCAATGTTAGCAATGATGCTGCTGTTGAGCCGCTGCGAACCGCTTATACCTTCTCTC 1510
Db      1614 TTCTCTGTGTAACATGATGCTGCTGATGCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATG 1673
QY      1511 CGAGCGCTTATGAGAACCGGAGATGATGAGCAACCGGATGATGATGATGATGATGATGATG 1570
Db      1674 CGCCGTGCTGAGAAACGACGATCATGAAAGGCTGCTGACGAGAGAGGCAAGGCAAGG 1733
QY      1571 AGATGAACTTATAGAGAGATTAATCCCGGGA 1604
Db      1734 TGGCAGAGACTCCGAGGCGGCTGCGCACTGGCA 1767

RESULT 14
US-10-307-005-989
; Sequence 989, Application US/10307005
; Publication No. US20030236208A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: University of Delaware
; APPLICANT: Eric B. Kniel
; APPLICANT: Howard B. Gamper
; APPLICANT: Michael C. Rice
; APPLICANT: Jungsup Kim
; TITLE OF INVENTION: Targeted Chromosomal Genomic Alterations in Plants
; FILE REFERENCE: Napro/009 PCT
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/307,005
; PRIOR FILING DATE: 2002-11-26
; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/US01/17672
; PRIOR FILING DATE: 2001-06-01
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/208,538
; PRIOR FILING DATE: 2000-06-01
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/244,989
; PRIOR FILING DATE: 2000-10-30
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/818,875
; PRIOR FILING DATE: 2001-03-27
; SOFTWARE: Friedman macro Napro4
; SEQ ID NO 989
; LENGTH: 121
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Arabidopsis thaliana

```

```

US-10-307-005-989
Query Match      6.5%; Score 119.4; DB 15; Length 121;
Best Local Similarity 99.2%; Pred. No. 7,1e-21;
Matches 120; Conservative 0; Mismatches 1; Indels 0; Gaps 0;

QY      71 TTTTGTGTTTGTGTTTCAAAAACAAATCTTGAATTTATGGAACCGGCTCTTC 130
Db      1 TTTTGTGTTTGTGTTTCAAAAACAAATCTTGAATTTATGGAACCGGCTCTTC 60

QY      131 CGAACAACTTATCCGGGATCTTACCGGTTTACCGGCTTTAGCCGCGGTGCTCTCC 190
Db      61 TGAACAACTTATCCGGGATCTTACCGGTTTACCGGCTTTAGCCGCGGTGCTCTCC 120

QY      191 A 191
Db      121 A 121

```

```

RESULT 15
US-10-307-005-990/c
; Sequence 990, Application US/10307005
; Publication No. US20030236208A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: University of Delaware
; APPLICANT: Eric B. Kniel
; APPLICANT: Howard B. Gamper
; APPLICANT: Michael C. Rice
; APPLICANT: Jungsup Kim
; TITLE OF INVENTION: Targeted Chromosomal Genomic Alterations in Plants
; FILE REFERENCE: Napro/009 PCT
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/307,005
; PRIOR FILING DATE: 2002-11-26
; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/US01/17672
; PRIOR FILING DATE: 2001-06-01
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/208,538
; PRIOR FILING DATE: 2000-06-01
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/244,989
; PRIOR FILING DATE: 2000-10-30
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/818,875
; PRIOR FILING DATE: 2001-03-27
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 2717
; SOFTWARE: Friedman macro Napro4
; SEQ ID NO 990
; LENGTH: 121
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Arabidopsis thaliana
US-10-307-005-990

```

```

Query Match      6.5%; Score 119.4; DB 15; Length 121;
Best Local Similarity 99.2%; Pred. No. 7,1e-21;
Matches 120; Conservative 0; Mismatches 1; Indels 0; Gaps 0;

QY      71 TTTTGTGTTTGTGTTTCAAAAACAAATCTTGAATTTATGGAACCGGCTCTTC 130
Db      121 TTTTGTGTTTGTGTTTCAAAAACAAATCTTGAATTTATGGAACCGGCTCTTC 62

QY      131 CGAACAACTTATCCGGGATCTTACCGGTTTACCGGCTTTAGCCGCGGTGCTCTCC 190
Db      61 TGAACAACTTATCCGGGATCTTACCGGTTTACCGGCTTTAGCCGCGGTGCTCTCC 2

QY      191 A 191
Db      1 A 1

Search completed: March 10, 2004, 11:58:36
Job time : 604.434 secs

```

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2004 CompuGen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model1

Run on: March 10, 2004, 10:40:15 ; Search time 4183.5 seconds
(without alignments)
13084.110 Million cell updates/sec

Title: US-10-026-767-3
Perfect score: 1833
Sequence: 1 agcgttagaataaacacgc.....ataaaatgcttttacttc 1833

Scoring table: IDENTITY NUC
Gapop 10.0, Gapext 1.0

Searched: 27513289 seqs, 14931090276 residues
Total number of hits satisfying chosen parameters: 55026578

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000
Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database :
1: em_estba:*
2: em_esthum:*
3: em_estlin:*
4: em_estmu:*
5: em_estcov:*
6: em_estpl:*
7: em_estro:*
8: em_hic:*
9: gb_est1:*
10: gb_est2:*
11: gb_hic:*
12: gb_est3:*
13: gb_est4:*
14: gb_est5:*
15: em_estfun:*
16: em_estom:*
17: em_gss_hum:*
18: em_gss_inv:*
19: em_gss_pln:*
20: em_gss_vit:*
21: em_gss_fun:*
22: em_gss_mam:*
23: em_gss_mus:*
24: em_gss_pro:*
25: em_gss_rod:*
26: em_gss_phg:*
27: em_gss_vit:*
28: gb_gss1:*
29: gb_gss2:*

SUMMARIES

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	684.2	37.3	690	9	AV784199
2	653	35.6	664	9	AV823266
3	550.8	30.0	554	9	AV553853
4	542.2	29.6	563	9	AV830448

C	5	541.8	29.6	549	9	AI998362	701545370
	6	536.4	29.3	549	9	AV530853	AV530853
	7	517.2	28.2	746	28	AQ959076	AQ959076
	8	513	28.0	518	9	AV563245	AV563245
	9	499.4	27.2	745	14	CD813513	BN15.0190
	10	496	27.1	757	14	CD837236	BN45.0511
	11	492.4	26.9	754	14	CD832104	BN40.062A
	12	481.4	26.3	483	9	AV556853	AV556853
	13	475.4	25.9	720	14	CD813554	BN15.020B
	14	463	25.3	713	14	CD835442	BN45.0451
	15	456.4	24.9	698	14	CD825384	BN25.060J
	16	429.8	23.4	433	9	AV819304	AV819304
	17	427.4	23.3	432	9	AV788703	AV788703
	18	425	23.2	425	9	AV809949	AV809949
	19	422	23.0	520	9	AA56088	28737 Lam
	20	418	22.8	419	9	AV816969	AV816969
	21	417	22.7	420	9	AV805545	AV805545
	22	415.4	22.7	417	9	AV805031	AV805031
	23	413.2	22.5	724	14	CD824641	CD824641
	24	412	22.5	413	9	AV803385	AV803385
	25	411.8	22.5	740	14	CD825843	BN25.061P
	26	406.4	22.2	421	9	AV819048	AV819048
	27	403	22.0	403	9	AV561789	AV561789
	28	400.2	21.8	664	14	CD839287	RF02.114F
	29	395.6	21.6	521	28	AQ959075	AQ959075
	30	391.2	21.3	420	9	AV808518	AV808518
	31	389.4	21.2	541	9	AA395287	AA395287
	32	381.8	20.8	822	28	BH487028	BH487028
	33	379	20.7	440	14	T43041	T43041
	34	375.8	20.5	686	28	B246531	B246531
	35	371.8	20.3	386	9	AV819277	AV819277
	36	371.4	20.3	381	10	B524790	B524790
	37	368.6	20.1	738	28	B2039614	B2039614
	38	362.2	19.8	451	14	T41726	T41726
	39	354.2	19.3	395	9	AV818024	AV818024
	40	353.2	19.3	370	10	B521126	B521126
	41	347.8	19.0	360	10	B521125	B521125
	42	344.4	18.8	402	29	AL947958	AL947958
	43	342	18.7	343	10	B524810	B524810
	44	338	18.4	342	9	AV533298	AV533298
	45	330.8	18.0	676	28	B2007035	B2007035

ALIGNMENTS

RESULT 1
AV784199/c
DEFINITION AV784199 RAFLS Arabidopsis thaliana CDNA clone RAF105-17-E01.3',
LOCUS
ACCESSION AV784199
VERSION AV784199.1 GI:19802989
KEYWORDS
SOURCE
ORGANISM Arabidopsis thaliana (thale cress)
EST.
Arabidopsis thaliana
Bukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
rosids; eurosids II; Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsids.
1 (bases 1 to 690)

REFERENCE
AUTHORS Seki,M., Narusaka,M., Ishida,Y., Kamiya,A., Satou,M., Nakajima,M.,
Oono,Y., Sakurai,T., Carninci,P., Kawai,Y., Itoh,M., Itoh,Y.,
Arakawa,T., Shibata,K., Shinagawa,A., Muramatsu,M., Hayashizaki,Y.
and Shinozaki,K.
Large scale analysis of Arabidopsis full-length cDNA (2002b)

TITLE
JOURNAL COMMENT
Unpublished (2002)
Contact: Motoaki Seki
Plant Functional Genomics Research Group
RIKEN Genomic Sciences Center
3-1-1 Koyadai, Tsukuba, Ibaraki 305-0074, Japan
Tel: 81-298-36-4159
Fax: 81-298-36-9050
Email: mseki@tc.riken.go.jp

An Arabidopsis full-length cDNA library was constructed essentially as reported previously (Seki et al., 1998). This clone is in a modified pBluescript vector as a SsrI/XhoI insert. Please visit our web site (http://www.gsc.riken.go.jp/e/plant/index_e.html) for further details.

FEATURES

JRES source	Location/Qualifiers
	1. .690

```

/organism="Arabidopsis thaliana"
/mol_type="mRNA"
/db_xref="taxon:3702"
/clone="RAFL05-17-B01"
/development="proseptic plants"
/lab_host="SGB"
/clone_id="RAFL5"
/node Site_1: Set; Site_2: XhoI; subjected to
degradation-treated(1,2,5,10,24 hr)

```

ORIGIN

Query Match	37.3%;	Score 684.2;	DB 9;	Length 690;
Best Local Similarity	99.6%;	Pred. No. 7.3e-127;		
Matches 686; Conservative	0;	Mismatches 3;	Indels 0;	Gaps 0.

QY	1144	AAGTTGGTAGAGGGGGCTTAACTATGCTCGACAAAGTAGTGGACGATTCCTGGGTTGC	1201
Db	690	AAGTTGGTAGAGGGGGCTTAACTATGCTCGACAAAGTAGTGGACGATTCCTGGGTTGC	631
QY	1202	AAGTGGCCAGTCCAGCAACAATTCAGATATCTCACTCTTGTTACAATGATTTGATGACA	1267
Db	630	AAGTGGCCAGTCCAGCAACAATTCAGATATCTCACTCTTGTTACAATGATTTGATGACA	571
QY	1262	TTGCTGATGAGAAAGCAATCAACGGTCTAGTTTCGGTGTGCTGTTCCGACAACATAC	1321
Db	570	TTGCTGATGAGAAAGCAATCAACGGTCTAGTTTCGGTGTGCTGTTCCGACAACATAC	511
QY	1322	GCTGATTCGGGGAGACTTGGCTCGAGAAACGAGTACCTCGGATTCGATTAACAGAC	1381
Db	510	GCTGATTCGGGGAGACTTGGCTCGAGAAACGAGTACCTCGGATTCGATTAACAGAC	451
QY	1382	GGGAAATATGAGATTGGACAAGTAAATGATATGCAATGATTCATTCCTTCGGGTTAAG	1441
Db	450	GGGAAATATGAGATTGGACAAGTAAATGATATGCAATGATTCATTCCTTCGGGTTAAG	391
QY	1442	AGAGCAGGGTTCAATGTTAGCAAGTACATGCCGTTTGAACCCGTCGCAACCGCTATACG	1501
Db	390	AGAGCAGGGTTCAATGTTAGCAAGTACATGCCGTTTGAACCCGTCGCAACCGCTATACG	331
QY	1502	TATCTTCTCCGACGGCTTATGAGAACCGGGAAATGATGGCACCGAGCTCATGACGT	1567
Db	330	TATCTTCTCCGACGGCTTATGAGAACCGGGAAATGATGGCACCGAGCTCATGACGT	271
QY	1562	CAACTCATGAGATGGAATTAAAGAGAGATTAATCCGCGGATTTGGCTTAAAGAGAGAT	1621
Db	270	CAACTCATGAGATGGAATTAAAGAGAGATTAATCCGCGGATTTGGCTTAAAGAGAGAT	211
QY	1622	ATGAGCCATTAATGAAAAATGGGAATGATGATGAATTAATTTCTTATGTGATTTA	1681
Db	210	ATGAGCCATTAATGAAAAATGGGAATGATGATGAATTAATTTCTTATGTGATTTA	151
QY	1682	GAATTTGAAAACAAAAAATTAAATATAGAAATGAGTAGGTAAAGCAATTCCTGGG	1741
Db	150	GAATTTGAAAACAAAAAATTAAATATAGAAATGAGTAGGTAAAGCAATTCCTGGG	91
QY	1742	CTAAATATTTTTCATGAGGACTATGTTTTCATCAATATATCATTCACAAATGATA	1801
Db	90	CTAAATATTTTTCATGAGGACTATGTTTTCATCAATATATCATTCACAAATGATA	31
QY	1802	TTGACTTATCATTAATAAATGCTTTTAC	1830
Db	30	TTGACTTATCATTAATAAATGCTTTTAC	2

RESULT 2
AV823266

LOCUS	AVB23266	664 bp	mRNA	linear	EST 01-APR-2002
DEFINITION	AVB23266 RAF15 Arabidopsis thaliana cDNA clone RAF105-1-E01 5', mRNA sequence.				
ACCESSION	AVB23266				
VERSION	AVB23266.1	GI:19865323			
KEYWORDS	EST.				
SOURCE	Arabidopsis thaliana (thale cress)				
ORGANISM	Arabidopsis thaliana				

REFERENCE 1 (pages 1 to 664)
AUTHORS Seki M., Narusaka, M., Ishida, J., Kamiya, A., Satou, M., Nakajima, M.,

Arakawa, T., Shibata, K., Shinagawa, A., Muramatsu, M., Hayashizaki, Y. and Shinozaki, K.

TITLE Large scale analysis of Arabidopsis full-length cDNA (2002b)
 JOURNAL Unpublished (2002)
 COMMENT Contact: Motoaki Seki
 Contact: Motoaki Seki

Plant Functional Genomics Research Group
RIKEN Genomic Sciences Center
3-1-1 Koyadai, Tsukuba, Ibaraki 305-0074, Japan
e-mail: shiozaki@rsg.riken.go.jp

tel: 81-298-36-4339
Fax: 81-298-36-9060
Email: mseki@rc.riken.go.jp
anase-hidemi@cell.tenoch.nmu.jp

Dr. Masahiko was constructed essentially

an additional 1000 bp. This clone is in a modified Bluescript vector as a *SalI/XhoI* insert. Please visit our web site (http://www.asc.riken.go.jp/e/plant/index_e.html) for

FEATURES
source
1. 664
Location/Qualifiers
further details.

```
/organism="Arabidopsis thaliana"  
/mol_type="mRNA"  
/db_xref="taxon:3702"
```

```

/clone="RAF105-17-E01"
/dev_stage="rosette plants"
/lab_host="SOLr"

```

```

clone_1ib="RAP15"
/clone_1ib="RAP15"
/notes="Site_1: SctI; Site_2: XhoI; subjected to
dehydration-treated(1,2,5,10,24 hr)"

```

ORIGIN	Query Match	Score	DB 9	Length
	35.6%	653	9	664

[illegible]

07 AGCGCTTACAAAAAAGAGCGATAAACCGAATCATGAGCAACAAAAAGAGAA 71
 12 AGCGCTTACAAAAAAGAGCGATAAACCGAATCATGAGCAACAAAAAGAGAA 71

61 GAGAAATTAATTTTTTTGTTTCGTTTCAAAAACAAAATCTTTGAATTTTATCGCAAC 120

72 GAGAAATTAATTTTTTTGTTTCGTTTCAAAAACAAAATCTTTGAATTTTATCGCAAC 131

121 CCGTCTTCCGAACAACTTTATCCGGCATCTTACCGTTTACCCGCTTTAGCCCGT 180

Db 132 CCGCTTCTCCGAACAACTTTATCCGGGATCTTACCGTTTACC GGCTTTAGCCCGGT 191

QY 181 GGCTCTCCACCGCTGACTGCTTCCACCGCGTGTCCCGAAGATTCTCTCCTTTGACA 240

Db 192 GGGTCTCCACCGTAGCTGCTTCCACCGCGGTGTCCCGAGATTCTCTCCTTGGACA 251

Qy 241 ACAAGCACCGGAAACCACTCTTCAACACCAAAACCAACGAGCATCTCACGATGCT 300
252 ACAAGCACCGGAAACCACTCTTCAACACCAAAACCAACGAGCATCTCACGATGCT 311
Db

301 CGATCTTCGATCAAGCCCGTCTTTCTCCTATCCCAACTGTATCTCTCGTTC 360

DB 312 CGATCTCTCCGATCAAGCCCGCTCTTTCTCCCTCTATCCCAACCTCTGATCTCTCTCCG 372

QY 361 CACCGCCGCGTTGCATGCGGCGGGGATAGTCTCTATGTCGACCTAGGGGCGTGGGTCA 420

—

Db 372 CACCGCGTGTGATGCGGCGGATGAGTCTTATGCTGACCTAGGAGAGCTGAGTCT 431
 QY 421 GAGCTTAACCTTATGAGACGCTTGTGACGCGTGGAGCATGTTTGAAGGCTTGAAGA 480
 Db 432 GAGCTTAACCTTATGAGACGCTTGTGACGCGTGGAGCATGTTTGAAGGCTTGAAGA 491
 QY 481 TACGTTTATGACCACTTTTGGCGCGGTGAAGATCCGACGACCGCTGAGCGCTGAG 540
 Db 492 TACGTTTATGACCACTTTTGGCGCGGTGAAGATCCGACGACCGCTGAGCGCTGAG 551
 QY 541 AAGGCTTATGAGACCTGCTGCTTAAAGGAGTCTTATGAGGCTGCAACGCGCA 600
 Db 552 AAGGCTTATGAGACCTGCTGCTTAAAGGAGTCTTATGAGGCTGCAACGCGCA 611
 QY 601 TGACGCTGATCTTGTGATGATTAACATGCAACATTCATTGCAACATTGAG 653
 Db 612 TGACGCTGATCTTGTGATGATTAACATGCAACATTCATTGCAACATTGAG 664

RESULT 3
 AV553853
 LOCUS 554 bp mRNA linear EST 06-SEP-2000
 DEFINITION AV553853 Arabidopsis thaliana roots Columbia Arabidopsis thaliana
 cDNA clone RZ74c03r 5', mRNA sequence.
 ACCESSION AV553853
 VERSION AV553853.1 GI:8725266
 KEYWORDS EST.
 SOURCE Arabidopsis thaliana (thale cress)
 ORGANISM Arabidopsis thaliana
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
 rosids; eurosids I; Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsis.
 1 (bases 1 to 554)
 Aaamizu, S., Nakamura, Y., Sato, S. and Tabata, S.
 A large scale analysis of cDNA in Arabidopsis thaliana: Generation
 of 12,028 non-redundant expressed sequence tags from normalized and
 size-selected cDNA libraries
 DNA Res 7 (3), 175-180 (2000)
 MEDLINE 20363093
 PUBMED 10907847

COMMENT Contact: Erika Asamizu
 The First Laboratory for Plant Gene Research
 Kazusa DNA Research Institute
 Yana 1537-3, Kisarazu, Chiba 297-0812, Japan
 Email: asamizu@kazusa.or.jp, URL: http://www.kazusa.or.jp/en/plant/.
 FEATURES
 source
 1. 554
 /organism="Arabidopsis thaliana"
 /mol_type="mRNA"
 /strain="Columbia"
 /db_xref="taxon:3702"
 /clone="RZ74c03r"
 /tissue_type="roots"
 /clone_lib="Arabidopsis thaliana roots Columbia"
 /note="Vector: pBluescriptII SK-; Site_1: EcoRI; Site_2:
 XhoI"

ORIGIN
 Query Match 30.0%; Score 550.8; DB 9; Length 554;
 Best Local Similarity 99.6%; P-Val. 4.2e-100;
 Matches 552; Conservative 0; Mismatches 2; Indels 0; Gaps 0;

QY 935 TCCATATACATGTTGATGATGAGGAGACCAATCCTCAACCCGCGATTCATTC 994
 Db 1 TCCATATACATGTTGATGATGAGGAGACCAATCCTCAACCCGCGATTCATTC 60
 QY 995 ATGGCTTATTCATCGCGCATCGATGTTCAATGCTGACCAAGACCGCAATCGTTTAAAC 1054
 Db 61 ATGGCTTATTCATCGCGCATCGATGTTCAATGCTGACCAAGACCGCAATCGTTTAAAC 120
 QY 1055 ACGATTACGCGGACTTGAAGAGCGCGGTGAAGAGCTGATTTGGCAGTAAATAGCT 1114
 Db 121 ACGATTACGCGGACTTGAAGAGCGCGGTGAAGAGCTGATTTGGCAGTAAATAGCT 180

QY 1115 GAGAAAGGAATGTTCTTATGAGGAGTTCAAGTTGGAGAGGGGCTTACATGTTAGCGAA 1174
 Db 181 GAGAAAGGAATGTTCTTATGAGGAGTTCAAGTTGGAGAGGGGCTTACATGTTAGCGAA 240
 QY 1175 CGTACCTTGGCGGAGTTCCTCGGTTGCAAGTCCGACATCCACACCAATTCAGATTA 1234
 Db 241 GCTACCTTGGCGGAGTTCCTCGGTTGCAAGTCCGACATCCACACCAATTCAGATTA 300
 QY 1235 CACTCTTGTACAAAGATTTGATGACATTCCTGATGAGAAAGATCAACGTTTCGT 1294
 Db 301 CACTCTTGTACAAAGATTTGATGACATTCCTGATGAGAAAGATCAACGTTTCGT 360
 QY 1295 TTGCGTGTCTTCTCGCAACATTAACGCTGATTCGCGGAGACTTGCCTGAGAGAAACG 1354
 Db 361 TTGCGTGTCTTCTCGCAACATTAACGCTGATTCGCGGAGACTTGCCTGAGAGAAACG 420
 QY 1355 AGTACCTTCGCGGATTCATTAACAGAACGGAAGATAGATTGCAACGCTATATGATG 1414
 Db 421 AGTACCTTCGCGGATTCATTAACAGAACGGAAGATAGATTGCAACGCTATATGATG 480
 QY 1415 TCAGATGATTTGTCCTTGGGTTAAAGAGACAGAGGTTCAATGTTAGCAATGATCGCG 1474
 Db 481 TCAGATGATTTGTCCTTGGGTTAAAGAGACAGAGGTTCAATGTTAGCAATGATCGCG 540
 QY 1475 TTTGACCCCGTCCG 1488
 Db 541 TTTGACCCCGTCCG 554

RESULT 4
 AV630448
 LOCUS 563 bp mRNA linear EST 01-APR-2002
 DEFINITION AV630448 RAF19 Arabidopsis thaliana cDNA clone RAF109-69-M18 5',
 mRNA sequence.
 ACCESSION AV630448
 VERSION AV630448.1 GI:19872508
 KEYWORDS EST.
 SOURCE Arabidopsis thaliana (thale cress)
 ORGANISM Arabidopsis thaliana
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
 rosids; eurosids I; Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsis.
 1 (bases 1 to 563)
 Seki, M., Narusaka, M., Ishida, J., Kamiya, A., Setou, M., Nakajima, M.,
 Oono, Y., Sakurai, T., Carninci, P., Kawai, J., Itoh, M., Ishii, Y.,
 Arakawa, T., Shibata, K., Shingawa, A., Muramatsu, M., Hayashizaki, Y.
 and Shinozaki, K.
 A large scale analysis of Arabidopsis full-length cDNA (2002b)
 unpublished (2002)

COMMENT Contact: Motoaki Seki
 Plant Functional Genomics Research Group
 RIKEN Genomic Sciences Center
 3-1-1 Koyada, Tsukuba, Ibaraki 305-0074, Japan
 Tel: 81-298-36-4359
 Fax: 81-298-36-9060
 Email: meeki@rtc.riken.go.jp
 An Arabidopsis full-length cDNA library was constructed essentially
 as reported previously (Seki et al., 1998). cDNA cleaved with BamHI
 and XhoI was ligated to modified Lambda PUC-1 vector (Carninci et
 al., submitted for publication) digested with BamHI and SalI. This
 clone is in a modified pBluescript vector. Please visit our web
 site (http://www.gsc.riken.go.jp/e/plant/index_e.html) for further
 details.

FEATURES
 source
 1. 563
 /organism="Arabidopsis thaliana"
 /mol_type="mRNA"
 /db_xref="taxon:3702"
 /clone="RAF109-69-M18"
 /dev_stage="plants at various developmental stages from
 germination to mature seeds"
 /lab_host="DH10B"

RESULT 6
AV530853 549 bp mRNA linear EST 01-SEP-2000
LOCUS AV530853 Arabidopsis thaliana flower buds Columbia Arabidopsis
DEFINITION thaliana cDNA clone FB010e01F 3', mRNA sequence.
ACCESSION AV530853
VERSION AV530853.1 GI:8691136
KEYWORDS EST.
SOURCE Arabidopsis thaliana (thale cress)
ORGANISM Arabidopsis thaliana
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
Rosids; eurosids II; Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsis.
1 (bases 1 to 549)
REFERENCE Asanizu, E., Nakamura, Y., Sato, S. and Tabata, S.
A large scale analysis of cDNA in Arabidopsis thaliana: Generation
of 12,028 non-redundant expressed sequence tags from normalized and
size-selected cDNA libraries
JOURNAL DNA Res. 7 (3), 175-180 (2000)
MEDLINE 20363093
PubMed 10907847
COMMENT Contact: Erika Asanizu
The First Laboratory for Plant Gene Research
Kazusa DNA Research Institute
Yama 1532-3, Kisarazu, Chiba 292-0812, Japan
Email: asanizu@kazusa.or.jp, URL: <http://www.kazusa.or.jp/en/plant/>.
Location/Qualifiers
FEATURES
source
1..549
/organism="Arabidopsis thaliana"
/mol_type="mRNA"
/strain="Columbia"
/db_xref="taxon:3702"
/clone="FB010e01F"
/tissue_type="flower buds"
/clone_lib="Arabidopsis thaliana flower buds Columbia"
/note="Vector: pBluescriptII SK-; Site_1: EcoRI; Site_2:
XhoI"

ORIGIN
Query Match 29.3%; Score 536.4; DB 9; Length 549;
Best Local Similarity 99.6%; Pred. No. 3.3e-97;
Matches 548; Conservative 0; Mismatches 1; Indels 1; Gaps 1;

QY 10 AAAAAAAAAAGGATTAACCGAACAATCAACCAAAAAAAAAAGAGAAATTA 69
DB 1 AAAAAAAAAAGGATTAACCGAACAATCAACCAAAAAAAAAAGAGAAATTA 60
QY 70 TTTTGT 129
DB 61 TTTTGT 119
QY 130 CCGAACAACCTTATCCGGCATCTTACCGTTTACCGCGTTTACCGCGTCTTC 189
DB 120 CCGAACAACCTTATCCGGCATCTTACCGTTTACCGCGTTTACCGCGTCTTC 179
QY 190 CACCGTGACTGTTTCAACCGCGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 249
DB 180 CACCGTGACTGTTTCAACCGCGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 229
QY 250 GGAACCACTTTCACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCA 309
DB 240 GGAACCACTTTCACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCA 299
QY 310 CGATCAACCGCGTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCT 369
DB 300 CGATCAACCGCGTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCT 359
QY 370 GTTGATCGCGCGGATAGTCTTATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 429
DB 360 GTTGATCGCGCGGATAGTCTTATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 419

QY 430 ACTATGACGCTTCGTGACCGGTGACGATGTTTATGAGGCTTGAAAAAGTACGTTTA 489
DB 420 ACTATGACGCTTCGTGACCGGTGACGATGTTTATGAGGCTTGAAAAAGTACGTTTA 479
QY 490 TGAACATTTTGGCGCGGTGAGATGCCAGCGCGGTGAGCGCGGTGAGAGAGGTTTA 549
DB 480 TGAACATTTTGGCGCGGTGAGATGCCAGCGCGGTGAGCGCGGTGAGAGAGGTTTA 539
QY 550 TGAAGCTACT 559
DB 540 TGAAGCTACT 549

RESULT 7
AQ959076 746 bp DNA linear GSS 28-JAN-2000
LOCUS AQ959076
DEFINITION LERH177FB LER Arabidopsis thaliana genomic clone LERH17, genomic
survey sequence.
ACCESSION AQ959076
VERSION AQ959076.1 GI:6786777
KEYWORDS GSS.
SOURCE Arabidopsis thaliana (thale cress)
ORGANISM Arabidopsis thaliana
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
Rosids; eurosids II; Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsis.
1 (bases 1 to 746)
REFERENCE Buell, C.R., Lin, X., Pal, G., Barnstead, M., Bowman, C., Utechtach, T.,
Feldblyum, T., Liang, F., Greasy, T. and Fraser, C.M.
Genomic survey sequencing of landberg erecta ecotype of
Arabidopsis thaliana and identification of sequence-based
polymorphisms
Unpublished (2000)
Contact: Xiaoying Lin
The Institute for Genomic Research
9712 Medical Center Dr., Rockville, MD 20850, USA
Tel: 301 838 0200
Fax: 301 838 0208
Email: atc@tigr.org
For additional information, see <http://www.tigr.org/tdb/ac/ac.html>
Seq primer: TP
Class: shotgun.
Location/Qualifiers
FEATURES
source
1..746
/organism="Arabidopsis thaliana"
/mol_type="genomic DNA"
/strain="LANDSBERG ERCTA"
/db_xref="taxon:3702"
/clone="LERH17"
/clone_lib="LERE"
/note="Torgan: Leaf; Vector: pUC19SK; Total genomic DNA was
sheared to 0.6-0.8 Kbp before ligation."

ORIGIN
Query Match 28.2%; Score 517.2; DB 28; Length 746;
Best Local Similarity 85.0%; Pred. No. 2e-93;
Matches 631; Conservative 0; Mismatches 18; Indels 93; Gaps 1;

QY 911 GAAATCTGAGAAATGCCAAGATCCAAATGATCAATGTTGATGATGCGAAGACACA 970
DB 5 GAAAGCTTTCACGCTGGAAGAGATCCAAATGATCAATGTTGATGATGCGAAGACACA 64
QY 971 ATCTTCACACCGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1030
DB 65 ATCTTCACACCGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 124
QY 1031 AAAGACGACCAATGTTTAAACACATTCAGGCGTATTCAGAGACGCGGTGAGAGA 1090
DB 125 AAAGACGACCAATGTTTAAACACATTCAGGCGTATTCAGAGACGCGGTGAGAGA 184
QY 1091 CTGCAATTTGGCAGTCAAAAATGCTGAGAAAGAAATGTTCTATGAGGCTTCAAGTGTG 1150
DB 185 CTGCAATTTGGCAGTCAAAAATGCTGAGAAAGAAATGTTCTATGAGGCTTCAAGTGTG 244

QY 1151 AGAGGGGCTTAATGCTTACGAGACGATGCTGGCGGATTCCTGGGTGCAAGTGGCA 1210
 |||||
 DB 245 AGAGGGGCTTACATGCTAGCCAGACGATGCTGGCGGATTCCTGGGTGCAAGTGGCA 304
 |||||
 QY 1211 GTCCAGCAGCAATTCAGGATCTACGCTCTGTTCATATGATGATGATCTCTGATG 1270
 |||||
 DB 305 GTCCAGCAGCAATTCAGGATCTACGCTCTGTTCATATGATGATGATCTCTGATG 364
 |||||
 QY 1271 GAGAAAGCATCAACGGTTCGTGTCGTGTCGTTCGTTCGTTCGTTCGTTCGTTCGTTCG 1330
 |||||
 DB 365 GAGAAAGCATCAACGGTTCGTGTCGTGTCGTTCGTTCGTTCGTTCGTTCGTTCGTTCG 424
 |||||
 QY 1331 ----- 1330
 |||||
 DB 425 GGTAAGCATTAATCAATGTAACCGCGGATTTTTCAGCCTTACGTAGTGAAT 484
 |||||
 QY 1331 -----GGAGACCTTGGCTGAGGAAAGCGAGT 1357
 |||||
 DB 485 GGTTTACTAATTTGTAAGAAATGTTTTGATTTGAGGAGACCTTCGTCAGGAAAGCGAGT 544
 |||||
 QY 1358 GACCTCGGATGATTAACAGAAAGGAGATGAGATTGCAACGCTATATGATGCA 1417
 |||||
 DB 545 GACCTCGGATGATTAACAGAAAGGAGATGAGATTGCAACGCTATATGATGCA 604
 |||||
 QY 1418 GATGATTTGCTTGGGTTTAAAGAGCAGGTTCAATGTTAGCAATGATGCTGTT 1477
 |||||
 DB 605 GATGATTTGCTTGGGTTTAAAGAGCAGGTTCAATGTTAGCAATGATGCTGTT 664
 |||||
 QY 1478 GGACCCGTCGCAACCGCTATACCGTATCTTCCGACCGCTTATAGAAACGGGGAATG 1537
 |||||
 DB 665 GGACCCGTCGCAACCGCTATACCGTATCTTCCGACCGCTTATAGAAACGGGGAATG 724
 |||||
 QY 1538 ATGGCCACCGGAGCTCATGACC 1559
 |||||
 DB 725 ATGGCCACCGGAGCTCATGACC 746
 |||||

RESULT 8
 AVS63245/c 518 bp mRNA linear EST 07-SEP-2000
 LOCUS AVS63245 Arabidopsis thaliana green siliques Columbia Arabidopsis
 DEFINITION thaliana cDNA clone SQ183H04F 3', mRNA sequence.
 ACCESSION AVS63245
 VERSION AVS63245.1 GI:8734671
 KEYWORDS EST.
 SOURCE Arabidopsis thaliana (chale cress)
 ORGANISM Arabidopsis thaliana
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
 rosids; eurosids II; Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsis.
 1 (bases 1 to 518)
 Asamizu, E., Nakamura, Y., Sato, S. and Tabata, S.
 A large scale analysis of cDNA in Arabidopsis thaliana: Generation
 of 12,028 non-redundant expressed sequence tags from normalized and
 size-selected cDNA libraries
 DNA Res. 7 (3), 175-180 (2000)
 JOURNAL MEDLINE 20363093
 PUBMED 10907847
 COMMENT Contact: Erika Asamizu
 The First Laboratory for Plant Gene Research
 Kazusa DNA Research Institute
 Yama 1532-3, Kisarazu, Chiba 292-0812, Japan
 Email: asamizu@kazusa.or.jp, URL: http://www.kazusa.or.jp/en/plant/.
 Location/Qualifiers
 1..518
 /organism="Arabidopsis thaliana"
 /mol_type="mRNA"
 /strain="Columbia"
 /db_xref="taxon:3702"
 /clone="SQ183H04F"
 /tissue_type="green siliques"
 /clone_lib="Arabidopsis thaliana green siliques Columbia"

ORIGIN /note="Vector: pbluescriptII SK-; Site_1: EcoRI; Site_2: XhoI"
 Query Match 28.0%; Score 513; DB 9; Length 518;
 Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 1,6e-92;
 Matches 513; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 1321 CGCTGATTCGGGAGACCTTGGCTGAGAAAGGAGTGAACCTCGGATGATTAACAGA 1380
 |||||
 DB 518 CGCTGATTCGGGAGACCTTGGCTGAGAAAGGAGTGAACCTCGGATGATTAACAGA 459
 |||||
 QY 1381 CGGAAAGATAGAGTTTGAACAGCTATATGATGTCAGATGTCATGCTCGGTTAA 1440
 |||||
 DB 458 CGGAAAGATAGAGTTTGAACAGCTATATGATGTCAGATGTCATGCTCGGTTAA 399
 |||||
 QY 1441 GAGAGAGGTTCAATGTTAGCAAGTACATGCGTTTGGACCGGTGCAACCGCTATAC 1500
 |||||
 DB 398 GAGAGAGGTTCAATGTTAGCAAGTACATGCGTTTGGACCGGTGCAACCGCTATAC 339
 |||||
 QY 1501 GTATCTTCTCCGACCGCTTATAGAAACCGGGAATGATGACCGAGCTCATGACCG 1560
 |||||
 DB 338 GTATCTTCTCCGACCGCTTATAGAAACCGGGAATGATGACCGAGCTCATGACCG 279
 |||||
 QY 1561 TCAACTCATGAGATGGAATTAAGAGAGATTAATCGCCGAGATTGCGTAAAGAGAG 1620
 |||||
 DB 278 TCAACTCATGAGATGGAATTAAGAGAGATTAATCGCCGAGATTGCGTAAAGAGAG 219
 |||||
 QY 1621 TATGAGCATTAAATGAATTTGGGAAATGATGAATTAATTTCTTATGATGTTA 1680
 |||||
 DB 218 TATGAGCATTAAATGAATTTGGGAAATGATGAATTAATTTCTTATGATGTTA 159
 |||||
 QY 1681 AGAATTTGAAACAAAAATTTAATATTAAGAAATGAGTAGTAAACATTTCTGTG 1740
 |||||
 DB 158 AGAATTTGAAACAAAAATTTAATATTAAGAAATGAGTAGTAAACATTTCTGTG 99
 |||||
 QY 1741 GCTAATATTTTTCATGAGGAGCTATGTTTACTATGATCAATATCATTCGAATGAT 1800
 |||||
 DB 98 GCTAATATTTTTCATGAGGAGCTATGTTTACTATGATCAATATCATTCGAATGAT 39
 |||||
 QY 1801 ATTCACTTATCAATTAATTAATGCTTTTACTTT 1833
 |||||
 DB 38 ATTCACTTATCAATTAATTAATGCTTTTACTTT 6
 |||||

RESULT 9
 CD813513 745 bp mRNA linear EST 10-JUL-2003
 LOCUS CD813513
 DEFINITION BN15.019002F020121 BN15 Brassica napus cDNA clone BN15019002, mRNA
 sequence.
 ACCESSION CD813513
 VERSION CD813513.1 GI:32495453
 KEYWORDS EST.
 SOURCE Brassica napus (rape)
 ORGANISM Brassica napus
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
 rosids; eurosids II; Brassicales; Brassicaceae; Brassica.
 1 (bases 1 to 745)
 Genoplante.
 Unpublished (2003)
 Contact: Genoplante
 Genoplante
 93, rue Henri Rochefort 91025 EVRY CEDEX France
 Tel: 33 1 69 47 54 00
 Fax: 33 1 69 47 54 10
 This sequence has been generated in the framework of the french
 plant genome programme 'Genoplante' (http://www.genoplante.com
 and http://genoplante-info.infobiogen.fr).
 Location/Qualifiers
 1..745
 /organism="Brassica napus"

FEATURES
 source

```

/mol_type="mRNA"
/cultivar="Jel neuf"
/db_xref="taxon:3708"
/clone="BN15019002"
/tissue_type="seed"
/clone_lib="BN15"

```

ORIGIN

```

Query Match      27.2%; Score 499.4; DB 14; Length 745;
Best Local Similarity 82.5%; Pred. No. 7.5e-90;
Matches 585; Conservative 0; Mismatches 121; Indels 3; Gaps 1;

```

```

OY 10 AAAAAAAAAAGGAGTAACCGAATCAATACCAACCAAAAAAAAAAAGAGAAATTA 69
DB 30 AGAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 89
OY 70 TTTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 129
DB 90 TTTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 149
OY 130 CCGAAGCAAACTTTATCCGCGATCTTACCGTTTACCGGCTTTTACCGGCTGCTCC 189
DB 150 CCGAAGCAAACTTTATCCGCGATCTTACCGTTTACCGGCTTTTACCGGCTGCTCC 209
OY 190 CACCGTACTGCTTCCACCGCGCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 249
DB 210 CACCGTACTGCTTCCACCGCGCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 269
OY 250 GAAACCACTTCTTACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCA 309
DB 270 AGAGCCCACTTCTTACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCA 326
OY 310 CGATCAAGCCGCTTTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCT 369
DB 327 CGACAGAGCCGCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCT 386
OY 370 GTTGATAGCGCGCGGATAGGTCCTATGTCGACCTTGTGAGAGAGAGAGAGAGAG 429
DB 387 GTTGATAGCGCGCGGATAGGTCCTATGTCGACCTTGTGAGAGAGAGAGAGAGAG 446
OY 430 ACTTATGAGCGCTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 489
DB 447 ACTTATGAGCGCTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 506
OY 490 TGACATTTTGTGCGCGGATAGGTCCTATGTCGACCTTGTGAGAGAGAGAGAGAG 549
DB 507 TGACATTTTGTGCGCGGATAGGTCCTATGTCGACCTTGTGAGAGAGAGAGAGAG 566
OY 550 TGAAGTACTGCTTAAAGGATGCTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 609
DB 567 CGAAGCGAGCGGCTTAAAGGATGCTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 626
OY 610 ATCTTGATGATTAACATGCAACATTCATTCGAACTTGAAGCTGCCAATCTTTACC 669
DB 627 CTCTGGATGATTAACATGCAACATTCATTCGAACTTGAAGCTGCCAATCTTTACC 686
OY 670 AACATCTCACTTAGCTCAGTGGTTGAGAGATTAACGCAATTTGTCCA 718
DB 687 AACATCTCACTTAGCTCAGTGGTTGAGAGATTAACGCAATTTGTCCA 735

```

```

RESULT 10
CD837236      757 bp      mRNA      1linear      EST 10-JUL-2003
LOCUS         BN45.05111F020107 BN45 Brassica napus cDNA clone BN45051111, mRNA
DEFINITION    sequence.
ACCESSION     CD837236
VERSION       CD837236.1 GI:32519176
KEYWORDS      EST.
SOURCE        Brassica napus (rape)
ORGANISM      Brassica napus
               Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
               Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;

```

```

REFERENCE
AUTHORS       1 (bases 1 to 757)
TITLE         Genopliante.
JOURNAL       Unpublished (2003)
COMMENT       Contact: Genopliante
               Genopliante
               93, rue Henri Rochefort 91025 EVRY CEDEX France
               Tel: 33 1 69 47 54 00
               Fax: 33 1 69 47 54 10

```

```

FEATURES
source
1..757
/organism="Brassica napus"
/mol_type="mRNA"
/cultivar="Jel neuf"
/db_xref="taxon:3708"
/clone="BN45051111"
/tissue_type="seed"
/clone_lib="BN45"

```

```

ORIGIN
Query Match      27.1%; Score 496; DB 14; Length 757;
Best Local Similarity 80.7%; Pred. No. 3.6e-89;
Matches 603; Conservative 0; Mismatches 140; Indels 4; Gaps 2;

```

```

OY 11 AAAAAAAAAAGGAGTAACCGAATCAATACCAACCAAAAAAAAAAAGAGAAATTA 70
DB 15 AGAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 74
OY 71 TTTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 130
DB 75 ACAATTTATTTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 134
OY 131 CGAAGCACTTATCCGCGATAGGTCCTATGTCGACCTTGTGAGAGAGAGAGAGAG 190
DB 135 CGAAGCACTTATCCGCGATAGGTCCTATGTCGACCTTGTGAGAGAGAGAGAGAG 194
OY 191 ACCGTGATGCTTCCACCGCGCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 250
DB 195 ACCGTGATGCTTCCACCGCGCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 254
OY 251 GAACCACTTCTTACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCA 310
DB 255 GAGCGCGCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCT 314
OY 311 GATCAAGCCGCTTTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCT 370
DB 312 GATCAAGCCGCTTTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCT 371
OY 371 TTGATGCGGCGGATAGGTCCTATGTCGACCTTGTGAGAGAGAGAGAGAGAG 430
DB 372 CTGATGCGGCGGATAGGTCCTATGTCGACCTTGTGAGAGAGAGAGAGAGAG 431
OY 431 CTCTTGACGCTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 490
DB 432 CTCTTGACGCTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 491
OY 491 GACCAATTTTGTGCGCGGATAGGTCCTATGTCGACCTTGTGAGAGAGAGAGAG 550
DB 492 GACCAATTTTGTGCGCGGATAGGTCCTATGTCGACCTTGTGAGAGAGAGAGAG 551
OY 551 GAGCTACTGCTTAAAGGATGCTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 610
DB 552 GAGCTACTGCTTAAAGGATGCTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 611
OY 611 TCTTGATGATTAACATGCAACATTCATTCGAACTTGAAGCTGCCAATCTTTACC 670
DB 612 TCTTGATGATTAACATGCAACATTCATTCGAACTTGAAGCTGCCAATCTTTACC 671
OY 671 ACATCTCACTTAGCTCAGTGGTTGAGAGATTAACGCAATTTGTCCAATTTGCTCTG 730

```


Db	672	ACATCTCACTTAGCTAGCTAGTGTGGTGAAGAT-ACCGGATTTGTCCATTAGTCTTCA	730
QY	731	AAACGATGAGGATCTGCTGGCGTGG	757
Db	731	AAACGATGAGGATCTGCTGGCGG	757
RESULT 11			
CD832104			
LOCUS			
DEFINITION	CD832104	754 bp	mRNA
ACCESSION	BM40.062A09F011227	BN40	Brassica napus
VERSION	CD832104		linear
KEYWORDS	EST.		EST 10-JUL-2001
SOURCE	CD832104.1	GI:32514044	
ORGANISM	Brassica napus (rape)		
REFERENCE	Brassicaceae		
AUTHORS	Bukerjoc, Viridiplantae, Streptophyta, Embryophyta, Tracheophyta, Spermatophyta, Magnoliophyta, eudicotyledons, core eudicots, rosids, eurosids II, Brassicales, Brassicaceae, Brassica.		
TITLE	Genoplante.		
JOURNAL	Genoplante, a major partnership french program in plant genomics		
COMMENT	Unpublished (2003)		
CONTACT	Genoplante		
93,	rue Henri Rochefort 91025 EVRY CEDEX France		
Tel:	33 1 69 47 54 00		
Fax:	33 1 69 47 54 10		
This sequence has been generated in the framework of the french			
plant genomics programme 'Genoplante' (http://www.genoplante.com			
and http://genoplante-info.infobiogen.fr .			
Location/Qualifiers			
1..754			
/organism="Brassica napus"			
/mol_type="mRNA"			
/culti_var="Uet neuf"			
/db_xref="taxon:3708"			
/clone="BN4062A09"			
/tissue_type="seed"			
/clone_lib="BN40"			
Query Match	26.9%	Score 492.4	DB 14; Length 754;
Match Local Similarity	81.9%	Prod. No. 1.9e-88;	
Matches 596; Conservative 0;	Mismatches 121;	Indels 11;	Gaps 2;
QY	8	AGAAAAAAGAGCGATTAACCGAAGCATCAAGCAACAAAAAAGAGAGAGAAAT	67
Db	38	AGGAGAAAGAGCGATTAATCCGAAAGCCTTAAGAAATCAAAAGAGAGAGAAACAT	97
QY	68	TATTTTTTTTGTGTTTGGTTTCAAAAACAATCTTGAATTTTATGGAACCGTCTT	127
Db	98	TTCTTTTTTTG-----TTTCAAAAAGAAATCTTGAATTTTATGGAACCGTCTC	149
QY	128	CTCGGAACAACTTTATCGGCGGATCTTACCGTTTACCGGCTTTTATGCGCGTGGTCT	187
Db	150	CTCGGAACAACTTTATCGGCGGATCTTACCGTTTATGCGCGTGGTCTC	209
QY	188	CCGACCGTGAAGTCTTCCACCGCGTCTGTCGCGAGATCTCTCTTTGACAAACA	247
Db	210	CCGACCGTGAAGTCTTCCACCGCGTCTGTCGCGAGATCTCTCTTTGACAAACA	269
QY	248	CCGGAACCACTTTTCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCA	307
Db	270	CCAGGCACTCTTCCACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCA	326
QY	308	TCCGATCAAGCCGTTCTTTTCTCTCTATCCCAACCTTGATCTCTCTCTCTCAACGCGC	367
Db	327	TCCGATCAAGCCGTTCTTTTCTCTCTATCCCAACCTTGATCTCTCTCTCTCAACGCGC	386
QY	368	GTGTTGATGCGGCGGCGATAGTCTTATGTCGACCTTGAAGAGAGTGGATCATAGCTCT	427

Dd		367	GTCCTGCAATGGCGCCGCCAATAGTCCATGGTGATTGTGGATCGTGGATCATGGAGCTCCT	446
Qy		428	AAACTTAATGACGCCTTCGGTGAACGCGTGGACATGTTTTTAAGGCGTTGTGAAAAATAAGCTTT	487
Dd		447	AAACTCATGACACACAGCCTTGAACAAGTGTATGGTCTTTGGCCTTTGTAAAAGTACGTTT	506
Qy		488	TATGACCACTTTTGGCGCGGTGAAGAATGCCGACCGAGCCGCTGACGCGGTGANAAGCGTT	547
Dd		507	TATGACCACTTCTGGCGCGGTGAAGAACCACCACCCTGGGAGCTGGCGGAACGGGTGAGAGCGCTT	566
Qy		548	TATGAGGCTACTGTCCTTAAAGGAGATGTTGTCTATGAGCGTTCGAAACAGCCCGATAGCGT	607
Dd		567	TACGAGGCTCTGGGGCTTAAAGATATGTTTGTATGCGCGGTGAACAATGCCATATACGT	626
Qy		608	GTAATCTTGTATGATTAACATGCAACAAATTCATTGCAACCAATTGAAGCTGCCAAATCTTTA	667
Dd		627	GCCACTTGTATGAGAACATGCAACACACTCCTTGGAACATCGAAGCAGCAAAATCTTTA	686
Qy		668	CCAACATCTGCTTAGCTAGTGGTGTGAAGATTAATGACATTTGNCATTAATGCTT	727
Dd		687	CTTACATTTCAATTTAGCTCATGAGTGTGTAAGATACCGCATATATGCCATCAGTCTT	746
Qy		728	CTGAAACG 735	
Dd		747	CTAAACG 754	
RESULT 12				
AVS56853/c		LOCUS	AVS56853	483 bp mRNA linear EST 06-SEP-2000
DEFINITION		AVS56853 Arabidopsis thaliana green siliques Columbia Arabidopsis		
ACCESSION		thaliana cDNA clone SQ053h12F 3', mRNA sequence.		
VERSION		AVS56853		
KEYWORDS		AVS56853.1 GI:8728268		
SOURCE		EST.		
ORGANISM		Arabidopsis thaliana (thale cress)		
REFERENCE		Arabidopsis thaliana		
AUTHORS		Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;		
TITLE		Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;		
JOURNAL MEDLINE		rosids; eurosid II; Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsis.		
PUBMED		1 (bases 1 to 483)		
COMMENT		Asamizu,E., Nakamura,Y., Sato,S. and Tabei,T.S. A large scale analysis of cDNA in Arabidopsis thaliana: Generation of 12,028 non-redundant expressed sequence tags from normalized and size-selected cDNA libraries DNA Res. 7 (3), 175-180 (2000) 20363093 10907847		
FEATURES		Contact: Erika Asamizu The First Laboratory for Plant Gene Research Kazusa DNA Research Institute Yama 1532-3, Kisarazu, Chiba 292-0812, Japan Email: asamizu@kazusa.or.jp, URL:http://www.kazusa.or.jp/en/plant/ Location/Qualifiers		
SOURCE		1..483		
		/organism="Arabidopsis thaliana"		
		/mol_type="mRNA"		
		/strain="Columbia"		
		/db_xref="taxon:3702"		
		/clone="SQ053h12P"		
		/tissue_type="green siliques"		
		/clone_lib="Arabidopsis thaliana green siliques Columbia"		
		/note="Vector: pBluescriptII SK-, Site_1: EcoRI, Site_2: XhoI"		
ORIGIN				
Query Match		26.3%; Score 481.4; DB 9; Length 483;		
Best Local Similarity		99.8%; Pred. No. 3.6e-86;		
Matches 482; Conservative 0; Mismatches 1; Indels 0; Gaps 0;				
Ox		1349 AAAGCGATGACCTCGGATGATTAACAGACCGGAAGATGAGTTTGCAACACTATAT 1408		

Db 483 AAGGAGTGAACCTCGGATGATTAACGAGACGAGATGAGATTGCAACGATAT 424
 QY 1409 GATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1468
 Db 423 GATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 364
 QY 1469 ATGCGGTTGGAACCGGTCGCAACCGGTCATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1528
 Db 363 ATGCGGTTGGAACCGGTCGCAACCGGTCATGATGATGATGATGATGATGATGAT 304
 QY 1529 CGGGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1588
 Db 303 CGGGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 244
 QY 1589 AGATTATGCGCGGATGCGTAAAGAGAGATGAGAGGATGATGATGATGATGATGATGAT 1648
 Db 243 AGATTATGCGCGGATGCGTAAAGAGAGATGAGAGGATGATGATGATGATGATGATGAT 184
 QY 1649 TGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1708
 Db 183 TGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 124
 QY 1709 AAGAAATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1768
 Db 123 AAGAAATGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 64
 QY 1769 TTTTACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1828
 Db 63 TTTTACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4
 QY 1829 ACT 1831
 Db 3 CCT 1

RESULT 13
 CD813554 720 bp mRNA linear EST 10-JUL-2003
 LOCUS BN15.020B05F020211 BN15 Brassica napus cDNA clone BN15020B05, mRNA
 DEFINITION
 CD813554
 ACCESSION CD813554
 VERSION CD813554.1 GI:32495494
 KEYWORDS EST.
 SOURCE Brassica napus (rape)
 ORGANISM Brassica napus
 Eukaryote; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
 rosids; eurosids II; Brassicales; Brassicaceae; Brassica.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 720)
 AUTHORS Genopiante.
 TITLE Unpublished (2003)
 JOURNAL Contact: Genopiante
 COMMENT Genopiante
 93, rue Henri Rochefort 91025 EVRY CEDEX France
 Tel: 33 1 69 47 54 00
 Fax: 33 1 69 47 54 10
 This sequence has been generated in the framework of the french
 plant genomics programme 'Genopiante' (<http://www.genopiante.com>
 and <http://genopiante-info.inbio.gen.fr>).
 Location/Qualifiers
 1..720
 /organism="Brassica napus"
 /mol_type="mRNA"
 /cullivar="Uet neuf"
 /db_xref="taxon:3708"
 /clone="BN15020B05"
 /tissue_type="seed"
 /clone_id="BN15"

ORIGIN
 Query Match 25.9%; Score 475.4; DB 14; Length 720;
 Best Local Similarity 82.4%; Pred. No. 4.9e-85;

Matches 573; Conservative 0; Mismatches 111; Indels 11; Gaps 2;
 QY 8 AAAAAAAAAACAGGATTAACCGGAAACATCAAGCAAAAGAAAAAGAGAGAAAT 67
 Db 37 AAGAGAAAAAGCGAATAATCCGAAAAGCTTAAGAAACATCAAAAGAAATAAAAACAT 96
 QY 68 TATTTTTTTTTTTGTTTTGTTTTCAAAAACAAAATCTTTGAATTTTATGCAACCCGCTT 127
 Db 97 TTTCTTTTTTTG-----TTTCAAAAGGAAATCTTTGAATTTTATGCAACCCGCTT 148
 QY 128 CTCGAAACAACTTTATTCGGGATCTTACCGGTTTACCGGCTTTTAAAGCCGGTGGTCTT 187
 Db 149 CTCGAAACAACTTTATTCGGGATCTTACCGGTTTACCGGCTTTTAAAGCCGGTGGTCTT 208
 QY 188 CCCACCGGATGCTTCCACCGCGCTGCGCGGAGATTTCTGCTTTGGAACAAGCA 247
 Db 209 CCCACCGGATGCTTCCACCGCGCTGCGCGGAGATTTCTGCTTTGGAACAAGCA 268
 QY 248 CCGGAACCACTCTTCCACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCA 307
 Db 269 CCGGAACCACTCTTCCACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCA 325
 QY 308 TCGGATCAAGCCGCTTTTCTCTCTATCCCAACCTGATCTCTCCGTTCCACCGGC 367
 Db 326 TCGGATCAAGCCGCTTTTCTCTCTATCCCAACCTGATCTCTCCGTTCCACCGGC 385
 QY 368 GTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 427
 Db 386 GTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 445
 QY 428 AACTTATGAGAGCTTCGCTGACCGCTGAGCTTTTAAAGGCTTTGTAAGTACGTTT 487
 Db 446 AACTTATGAGAGCTTCGCTGACCGCTGAGCTTTTAAAGGCTTTGTAAGTACGTTT 505
 QY 488 TATGACATTTTGGCGCGGTGAAGATGCGGACGCGCTGAGCGGCTGGAAGCGTT 547
 Db 506 TATGACATTTTGGCGCGGTGAAGATGCGGACGCGCTGAGCGGCTGGAAGCGTT 565
 QY 548 TATGAGCTACTGCTTTAAAGGAGTCTTGTATGAGCTGGAACACCGCGATGACGT 607
 Db 566 TATGAGCTACTGCTTTAAAGGAGTCTTGTATGAGCTGGAACACCGCGATGACGT 625
 QY 608 GTATCTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 667
 Db 626 GCCACTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 685
 QY 668 CCAACATCTCACTTATGCTCAAGTGTGTTGAAGAT 702
 Db 686 CCAACATCTCACTTATGCTCAAGTGTGTTGAAGAT 720

RESULT 14
 CD835442 713 bp mRNA linear EST 10-JUL-2003
 LOCUS BN45.045I07F011229 BN45 Brassica napus cDNA clone BN45045I07, mRNA
 DEFINITION
 CD835442
 ACCESSION CD835442
 VERSION CD835442.1 GI:32517382
 KEYWORDS EST.
 SOURCE Brassica napus (rape)
 ORGANISM Brassica napus
 Eukaryote; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots;
 rosids; eurosids II; Brassicales; Brassicaceae; Brassica.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 713)
 AUTHORS Genopiante.
 TITLE Unpublished (2003)
 JOURNAL Contact: Genopiante
 COMMENT Genopiante
 93, rue Henri Rochefort 91025 EVRY CEDEX France
 Tel: 33 1 69 47 54 00
 Fax: 33 1 69 47 54 10

This sequence has been generated in the framework of the french plant genomics programme 'Genoplante' (<http://www.genoplante.com>) and <http://genoplante-info.infobiogen.fr>.

FEATURES

Source
1. 713
/organism="Brassica napus"
/mol_type="mRNA"
/cultivar="Jec neuf"
/db_xref="taxon:3708"
/clone="BN45045107"
/issue_type="seed"
/clone_lib="BN45"

ORIGIN

Query Match 25.3%; Score 463; DB 14; Length 713;
Best Local Similarity 80.9%; Pred. No. 1.5e-82;
Matches 564; Conservative 0; Mismatches 130; Indels 4; Gaps 2;

11 AAAAAACAGGATTAACCGAAACATCAAGCAAAACAAAAAGAGAGAAATAT 70
19 AG 78
71 TTTTGTGTTTGTGTTTCAAAACAAATCTTGAATTTATGCAACCGCTTTC 130
79 ACAATTTATTTTGTGTTTATCAAGACATCTTGAATTTATGCAACCGCTTTC 138
131 CGAGCAAACTTTATCGGGGATCTTACCGCTTACCGCTTACCGCTTACCG 190
139 CGAGCAAACTTTATCGGGGATCTTACCGCTTACCGCTTACCGCTTACCG 198
191 ACCGTACTGCTTCAACCGCGCTGTCGCGAGATCTCTCTTGAACAACAAC 250
199 ACCGTACTGCTTCAACCGCGCTGTCGCGAGATCTCTCTTGAACAACAAC 258
251 GAACCACTCTTCAACCGCGCTGTCGCGAGATCTCTCTTGAACAACAAC 310
259 GAACCACTCTTCAACCGCGCTGTCGCGAGATCTCTCTTGAACAACAAC 315
311 GATCAAGCCGCTTCTTCTCTCTATCCGACCTGATCTCTCTCTCTCTCT 370
316 GACCAAGCCGCTTCTTCTCTCTATCCGACCTGATCTCTCTCTCTCTCT 375
371 TTGATGCGCGCGAGATGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 430
376 CTGATGCGCGCGAGATGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 435
431 CTATGAGAGCTTCTGCTGATCGGTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 490
436 CTATGAGAGAGCTTCTGCTGATCGGTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 495
491 GACCAATTTTGGCGCGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 550
496 GACCAATTTTGGCGCGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 555
551 GAAGCTACTGCTTCTTAAAGGATGCTTCTTAAAGGATGCTTCTTAAAGGAT 610
556 GAAGCTACTGCTTCTTAAAGGATGCTTCTTAAAGGATGCTTCTTAAAGGAT 615
611 TCTTGATGATTAACATGCAATCATTCGACATGATGATGATGATGATGATGAT 670
616 TCTTGATGATTAACATGCAATCATTCGACATGATGATGATGATGATGATGAT 675
671 ACATCTACTTATAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 708
676 ACATCTACTTATAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 712

RESULT 15

CD825384 696 bp mRNA linear EST 10-JUN-2003
LOCUS BN25.060J17F011129 BN25 Brassica napus cDNA clone BN25060J17, mRNA
DEFINITION sequence.
ACCESSION CD825384

VERSION CD825384.1 GI:32507324
KEYWORDS EST.
SOURCE Brassica napus (rape)
ORGANISM Brassica napus

REFERENCE Eukaryota: Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicots; rosids; euroside II; Brassicales; Brassicaceae; Brassica.
1 (bases 1 to 698)

AUTHORS Genoplante,
TITLE Genoplante, a major partnership french program in plant genomics
JOURNAL Unpublished (2003)
COMMENT Contact: Genoplante

Genoplante
93, rue Henri Rochefort 91025 EVRY CEDEX France
Tel: 33 1 69 47 54 00
Fax: 33 1 69 47 54 10
This sequence has been generated in the framework of the french plant genomics programme 'Genoplante' (<http://www.genoplante.com>) and <http://genoplante-info.infobiogen.fr>.

FEATURES

Source

1. 698
/organism="Brassica napus"
/mol_type="mRNA"
/cultivar="Jec neuf"
/db_xref="taxon:3708"
/clone="BN25060J17"
/issue_type="seed"
/clone_lib="BN25"

ORIGIN

Query Match 24.9%; Score 456.4; DB 14; Length 698;
Best Local Similarity 80.9%; Pred. No. 3.2e-81;
Matches 545; Conservative 0; Mismatches 126; Indels 3; Gaps 1;

11 AAAAAACAGGATTAACCGAAACATCAAGCAAAACAAAAAGAGAGAAATAT 70
28 AG 87
71 TTTTGTGTTTGTGTTTCAAAACAAATCTTGAATTTATGCAACCGCTTTC 130
88 ACAATTTATTTTGTGTTTATCAAGACATCTTGAATTTATGCAACCGCTTTC 147
131 GCAACAACTTTATCGGGGATCTTACCGCTTACCGCTTACCGCTTACCG 190
148 GCAACAACTTTATCGGGGATCTTACCGCTTACCGCTTACCGCTTACCG 207
191 ACCGTACTGCTTCAACCGCGCTGTCGCGAGATCTCTCTTGAACAACAAC 250
208 ACCGTACTGCTTCAACCGCGCTGTCGCGAGATCTCTCTTGAACAACAAC 267
251 GAACCACTCTTCAACCGCGCTGTCGCGAGATCTCTCTTGAACAACAAC 310
268 GAACCACTCTTCAACCGCGCTGTCGCGAGATCTCTCTTGAACAACAAC 324
311 GATCAAGCCGCTTCTTCTCTATCCGACCTGATCTCTCTCTCTCTCT 370
325 GATCAAGCCGCTTCTTCTCTATCCGACCTGATCTCTCTCTCTCTCT 384
371 TTGATGCGCGCGAGATGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 430
385 CTGATGCGCGCGAGATGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 444
431 CTATGAGAGCTTCTGCTGATCGGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 490
445 CTATGAGAGAGCTTCTGCTGATCGGTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 504
491 GACCAATTTTGGCGCGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 550
505 GACCAATTTTGGCGCGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 564
551 GAAGCTACTGCTTCTTAAAGGATGCTTCTTAAAGGATGCTTCTTAAAGGAT 610
565 GAAGCTACTGCTTCTTAAAGGATGCTTCTTAAAGGATGCTTCTTAAAGGAT 624

Qy	611	TCTTGTGATGATACATGCAACATTCATTGGAACCATGGAAGTGCCTTACCA	670
Db	625	TCTTGTGATGATACATGCAACATTCATTGGAACCATGGAAGTGCCTTACCA	684
Qy	671	ACATCTCAGCTTAG	684
Db	685	ACATCTCAGCTTAG	698

Search completed: March 10, 2004, 23:46:55
Job time : 4191.5 secs